

Analýza genomu viru COVID-19

**Analýza genomu viru COVID-19
Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1**

**Zpracoval: Ing. Jaroslav Třešňák
Dne: 29. 3. 2020**

Analýza genomu viru COVID-19

Evidence změn

Verze	Datum	Popis změny
1.0	24. 3. 2020	Uvolnění dokumentu
1.1	27. 3. 2020	Doplnění analýzy proteinu GP 120, přidání přílohy
1.2	29. 3. 2020	Šíření virů na velké vzdálenosti, léčivé přípravky

Obsah

Základní informace k viru COVID-19 (zdroj: http://dfens-cz.com/).....	3
Odborníci zjistili, která krevní skupina je více ohrožena koronavirem.....	6
Celosvětová statistika nakažených k 23. 3. 2020 21:00.....	10
Situace k 27. 3. 2020.....	15
Situace k 28. 3. 2020.....	15
Situace k 29. 3. 2020.....	17
Pro zajímavost : 13. 11. 2015 byl uveřejněný článek.....	18
Chimérický netopýří virus rozvířil obavy z výzkumu.....	18
Analýza podle zjištěných indicií.....	18
Analýza zaměřená na hledání sekvencí viru HIV-1 ve viru COVID-19 (SARS-CoV-2).....	21
Analýza zaměřená na hledání sekvencí viru HIV-2 ve viru COVID-19 (SARS-CoV-2).....	23
Kontrolní skupinou byl genom viru SARS a MERS.....	24
Rozložení fragmentů genomu viru SARS (AY274119.3 Tor2) v genomu viru COVID-19.....	24
Rozložení fragmentů genomu viru MERS (MG987421.1, NL140455) v genomu viru COVID-19.	27
Kapsidový protein gp120.....	29
GP 120 – seznam aminokyselin.....	30
Analýza zaměřená na hledání sekvencí GP120 ve viru COVID-19 (SARS-CoV-2).....	30
Šíření koronaviru může napomáhat znečištění ovzduší.....	32
Závěr.....	33
Dále zůstává nezodpovězeno:.....	34
Příloha.....	35
26. 3. 2020 - Koronavirus a Gatesova nadace.....	35
25. 3. 2020 - v New Yorku pacientům s koronavirem podávají vysoké dávky vitamínu C.....	38
25. 3. 2020 - v USA umožnili léčit těžké případy Covid-19 plazmou vyléčených.....	39
18. 3. 2020 Steve Sweeney: Kubánský lék by v koronavirové pandemii mohl zachránit tisíce lidí...40	
15. 3. 2020 Milana Calábka.....	40
Roušky a respirátory: Jaké typy jsou skutečně účinné a které mohou škodit?.....	42
E-mailová komunikace s MZČR.....	44
CRISPR.....	46
Historie.....	47

Základní informace k viru COVID-19 (zdroj:<http://dfens-cz.com/>)

Koronavirus je RNA-virus, který se normálně šíří především pomocí přímého kontaktu s postiženou osobou. Viry jsou běžně odpovědné za asi 10-30% nemocí z nachlazení na celém světě ale jejich dominiem je zejména Asie. Nová varianta viru Wu-Chan (dále jen 2019-nCoV) je ovšem jiná. Jednak se šíří kapénkovou infekcí, čili onemocníte mnohem snáz než u jiných typů koronaviřů a rovněž invazivita viru je nesrovnatelně vyšší. 2019-nCoV způsobuje respirační infekty, které asi ve 30 % případů mohou vyústit v pneumonii, [ARDS](#) a následné selhání jater a ledvin zřejmě mechanismem tzv. „[respiračního \(oxidativního\) vzplanutí](#)“, což je (podobně jako tzv. španělské chřipky) bouřlivá nespecifická imunitní reakce na antigen, se kterým se tělo doposud nesetkalo. Mechanismus, proč virus způsobuje fatální zakončení nemoci, není nicméně ještě uspokojivě vysvětlen, neboť v případě tzv. respiračního vzplanutí by se fatality soustředily převážně na mladé dospělé – v případě 2019-nCoV se zdá, že fatality se soustřeďují převážně na lidi staršího věku nad 70 let a pacienty s komorbiditami, především [COPD](#).

Na infekci jste schopni při zajištěné zdravotní péči umírat 3-4 týdny na ventilátoru, přičemž Vás nejpravděpodobněji zabije sepse nebo zmíněné virem indukované komplikace jako ARDS nebo hepatorenální selhání. Pro velký nárůst případů se údaje o fatalitě infekce mohou ještě upravovat, ale zdá se, že smrtnost je kolem 7% (**13% Itálie**) případů. Imunita v české kotlině vůči viru není žádná, na infekci neexistuje žádný účinný lék, vakcíny, které některá světová pracoviště avizují, mohou být i při největším urychlení všech procesů hotovy ke komerčnímu využití za rok – tedy mimo efektivní časové okno, ve kterém se dá lidská populace vůči viru ochránit. Žádná antivirotika na virus nefungují, i když v nemocnicích v Pekingu se pokoušejí pacienty léčit antivirotiky proti HIV. Údaje o fatalitě onemocnění virem se mohou měnit jak nahoru, tak dolů. Příznivé je, že čím později v průběhu epidemie se virem nakazíte, tím méně agresivním kmenem viru onemocníte a tím pravděpodobněji se uzdravíte. Je to z důvodu obecné biologické zákonitosti, že se v průběhu epidemie „darwinisticky“ selektují kmeny, které nechají hostitele déle a častěji naživu, aby předal infekci více dalším hostitelům. Relativní „etnická čistota“ Česka a uzavřenost lokálních komunit v tomto směru jistě pomáhá, přestože i u nás žijí početnější asijské komunity.

Epidemiologie

Díky způsobu přenosu (člověk na člověka, kapénková infekce) a dalším faktorům zmíněným níže je kontagiozita viru enormní. To je obrovský rozdíl proti epidemii SARS z roku 2002-2003, která se šířila pouze přímým kontaktem, a tedy bylo potřeba mnohem intenzivnějšího styku s nakaženým, aby se infekce přenesla. To u 2019-nCoV neplatí, teoreticky stačí projít kolem nakaženého a k infekci může dojít. Inkubační doba byla prozatím odhadnuta na **2-14 dní**, přičemž nemocný vylučuje virové partikule a je schopen nakazit dalšího hostitele již před začátkem symptomů, což je dost nepříznivé, neboť přenašeči infekce si vůbec nemusejí uvědomit, že virus přenášejí a projdou nepovšimnutí všemi

Analýza genomu viru COVID-19

kontrolami, které jsou zaměřeny na možné přenašeče například na letištích. K rychlému a celosvětovému rozšíření infekce přispěly zejména oslavy čínského Nového roku a početná čínská komunita v řadě zemí (severní Itálie – pracovníci v továrnách), která navštěvuje ve svátcích čínskou domovinu, což představuje největší každoroční přesun lidí na světě a tím i přesun infekce.

Tzv. R_0 (basic reproductive ratio), tedy průměrný počet nakažených pomocí jednoho hostitele (nemocným či v inkubační době) u vnímavé neproočkované populace, byl doposud odhadnut na 4 – 8. Původní R_0 bylo odhadnuto na 3,5 a číslo se neustále zvyšuje. Je to číslo podobné s příušnicemi (5) nebo planými neštovicemi (10), horší to mají spalničky a pro zajímavost – chřipka má 2,5, Ebola 1,5. Doubling time epidemie (tedy čas, za který se počet nakažených v raných fázích infekce zdvojnásobí) je 6,2 dne.

Genetika

2019-nCoV je RNA virus, tedy se zapisuje do genomu hostitelských buněk reverzní transkriptázou. Virus je z **96%** geneticky shodný s virem napadajícím netopýry a **79,5%** genomu je shodný s virem SARS z roku 2003 (**rozdíl v genomu člověka a o šimpanze jsou 4%**). Samotný fakt, že virus má geny kódované RNA jej činí nesmírně mutabilní podobně jako třeba virus chřipky. RNA viru byla sekvenována a informace o genetice viru jsou rovněž nesmírně zajímavé. **Především, uvnitř viru se nachází inzertní sekvence poměrně složitého genu kódujícího protein, který se u koronaviřů podařilo detekovat vůbec poprvé a který kóduje protein umožňující velmi rychlý průnik do epiteliálních buněk dýchací soustavy. Právě tento protein je odpovědný za jiné chování viru a jeho šíření kapénkovou infekcí a enormní nakažlivost. Dle některých nepotvrzených informací se jedná o sekvenci velmi podobnou, jaká se nachází u viru HIV-1 (kapsidový protein gp120), i když jiné zdroje hovoří o tom, že podobné sekvence se nachází i u jiných virů. Právě proto se také lékaři pokoušejí infekci léčit antivirotiky používanými proti HIV.**

Tato vlastnost viru, dala vzniknout některým konspiračním teoriím. Řada lidí včetně insiderů zabývajících se virologií a genetickými manipulacemi věří, že tak složitý funkční protein nemohl virus získat náhodně mutací či rekombinací, ale pouze arteficiální genovou manipulací.

Projevy varírují od zcela bezpříznakového průběhu až po ARDS a hepatorenální selhání. Virus v nepříznivých podmínkách mimo hostitele přetrvává 9 dní. Dokáže se přenést kašlem a kapénkami na čtyřmetrovou vzdálenost. Doubling time infekce je 3-6 dní (v Itálii nyní za 1 den došlo k zdvojnásobení počtu případů, ale to může být díky statistické volatilitě nebo prostě začali intenzivněji testovat). Podíl závažných průběhů infekce je v tuto chvíli do 10% (potvrzuje se postupná atenuace viru při šíření populací, jak jsme tvrdili v předchozím článku, což je moc dobře), Smrtnost je v tuto chvíli zhruba 3,4-6% (záleží jak se smrtnost onemocnění počítá a ve které zemi, neboť doposud máme pouze neúplná data a řada onemocnění ještě probíhá a neznáme kompletní výsledek průběhu (nástrojem na výpočet může být kupř. Kaplan-Meierova analýza nebo Coxova regrese, nebo Breslowův model přežití) – tedy

Analýza genomu viru COVID-19

umírá skoro polovina lidí, kteří závažně onemocní, což odpovídá udávané 30-60% smrtnosti na ARDS. Smrtnost a průběh nemoci jsou však striktně vázány na věk a komorbiditu – čili o celkové mortalitě lze hovořit pouze ve vztahu k populaci, kterou postihne a k věku pacientů.

Jiná mortalita bude v Africe, kde je průměrný věk dožití 60 let a v demografickém stromu převažují mladší ročníky a jiná bude kupříkladu v Itálii. Mnohem hůře na tom také budou lidé s preexistujícími komorbiditami, například kardiaci, kuřáci, lidé s plicními onemocněními a imunodeficientními stavy.

Je ovšem také otázka, jaká je vlastně smrtnost onemocnění koronavirem a kolik procent nákazy probíhá ve formě kritického ARDS. Je možné, že většina případů nákazy probíhá inaparentně, tedy bezpříznakově. To je typické zejména u dětí a data, na kterých by to šlo modelovat, nejsou veřejně k dispozici. Smrtnost se totiž vypočítává jako počet zemřelých na nákazu ku počtu nakažených. Počet zemřelých je s velkou mírou jistoty znám. Co ovšem známo není, je počet nakažených, protože tato hodnota je pozitivně dána pouze počtem těch, kteří byli na nákazu pozitivně testováni. Počet nakažených může být přitom vyšší a to násobně i o řády, což by přirozeně smrtností mohlo pohnout směrem dolů a to signifikantně.

Symptomy „Wuchanské chřipky“

Nemoc vyvolaná koronavirem 2019-nCoV (SARS-CoV-2) byla pojmenována politicky korektně COVID-19 poté, co politicky korektní neomarxističtí aktivisté označili název „Wuchanská chřipka“ referující k místu vzniku jako rasistický a nenávistný a narušující pokojné multikulturní soužití. Symptomy COVID-19 jsou celkem uniformní a vykazují některé odchylnosti od nemoci z nachlazení a běžné chřipky:

Příznak	Nachlazení (rinovirus)	Chřipka (influenzavirus A)	COVID-19 (SARS-CoV-2)
Teplota nad 38 st.	Ne	Ano	Ano
Bolesti kloubů a svalů, únava	Ano	Ano	Někdy
Suchý dráždivý kašel	Ne	Ano	Ano
Dušnost	Ne	Ne	Někdy
Ucpaný nos, rýma	Ano	Často	Zřídka
Bolesti hlavy	Ano	Často	Zřídka

Samotnému onemocnění předchází 2-14 dní inkubační doby. Pacient začíná být infekční cca 1-3 dny před vypuknutím příznaků, kdy aktivně virus vylučuje a může jej přenášet na své okolí. Následuje asi desetidenní období, kdy se nemoc projevuje dominantně jako horečka kombinovaná se suchým dráždivým kašlem. Asi za týden až 10 dní se onemocnění „láme“. Buď se začne pacientovi stav zlepšovat a do 3 týdnů se uzdraví, nebo dojde k dalšímu prohloubení symptomů a pacient se v důsledku rozvoje ARDS začíná dusit. Četnost progresu do ARDS je možné odhadnout od 6% do 10%. Rychlost

Analýza genomu viru COVID-19

zhoršování příznaků je přitom předzvěstí špatné prognózy. V případě rozvoje dušnosti je asi za 4-7 dní nutná hospitalizace na JIP se zavedením invazivní umělé plicní ventilace (UPV) ve speciálním režimu (ten se mění v souvislosti s dalším průběhem, ale je obecně charakterizován tlakově řízenou ventilací s plateau (tzv. IRV) s event. PEEP (positive end expiratory pressure) ve snaze udržet otevřené plicní sklípky. Pokud tento režim nepomůže, může se jako péče poslední volby použít ECMO (extracorporeal membrane oxygenation, mimotělní oxygenace) – těchto extrémně drahých přístrojů je ovšem velmi málo a rozhodně nevyjdou na každého.

V případě, že se kvůli rozvoji ARDS dostane někdo z Vašich blízkých do nemocnice, léčba se provádí pomocí kortikoterapie, terapie [umělým surfaktantem](#), antibiotiky k zabránění sekundární bakteriální infekce a doplňováním hladiny krystaloidů k ochraně funkce ledvin a udržování iontové rovnováhy, eventuální katecholaminové podpoře a některými dalšími postupy.

UPV může trvat různě dlouhou dobu, ale obvykle se rozhodne do 3 týdnů a pacient se buď zotaví, nebo zemře. Během těchto 3 týdnů může být nutné provést pacientovi chirurgickou nebo perkutánní tracheotomii. Kvalita lékařské péče přitom rozhodne, jestli zemře 30% nebo 60% nemocných a je to dobře vidět i na datech z jednotlivých zemí. **Umírá se na sepsi a multiorgánové selhání v důsledku sekundárních bakteriálních infekcí nebo na hepatorenální selhání nebo na srdeční selhání v důsledku nekrózy myokardu, která nastává přímým účinkem viru u predisponovaných jedinců.**

Odborníci zjistili, která krevní skupina je více ohrožena koronavirem

Podle článku skupiny čínských vědců, který byl uveřejněn na webových stránkách preprintů lékařských výzkumů Medrxiv, jsou lidé s krevním **typem II (A)** nejvíce zranitelní a častěji než jiní jsou ohroženi nákazou novým koronavirem.

Čínští vědci [provedli](#) cílený výzkum, aby zjistili, zda existuje souvislost mezi krevní skupinou pacientů a jejich citlivostí vůči novému typu koronaviru. Odebrali vzorky od 2173 pacientů ze tří nemocnic ve Wu-chanu a Šen-čenu, u nichž byl potvrzen COVID-19, z nichž 206 vzorků patřilo lidem, kteří [zemřeli na koronavirus](#).

Vědci nejprve zkoumali kontrolní skupinu 3 694 zdravých obyvatel Wu-hanu a zjistili, že je mezi nimi 33,84 % s krevní skupinou I (0), 32,16 % - s II (A), 24,90 % - s III (B), 9,10 % - s IV (AB). Testy 1775 infikovaných pacientů z nemocnice Jintan (včetně 206 zemřelých) ukázaly, že 25,80 % bylo s krevní skupinou I (0), **37,75 % s II (A)**, 26,42 % s III (B), 10,03 % s IV (AB).

Průzkumy dalších 398 pacientů z jiné nemocnice ve Wu-chanu a nemocnice v Šen-čenu ukázaly podobné výsledky.

Analýza genomu viru COVID-19

Vědci dospěli k závěru, že zranitelnost vůči **COVID-19** do jisté míry závisí na krevní skupině: **pro lidi s krevní skupinou II(A) je o něco nebezpečnější než pro ostatní.**

Zdroj: <https://cz.sputniknews.com/svet/2020031711664468-odbornici-zjistili-ktera-krevni-skupina-je-vice-ohrozena-koronavirem/>

Podle analýzy krevních skupin dle rozložení v populaci viz následující tabulka:

Zdroj: <https://www.babymed.com/pregnancy/blood-type-and-rh-rhesus-status-countries>

ABO and Rh blood type distribution by country (population averages)

Country	O+	A+	B+	AB+	O-	A-	B-	AB-	Overall Rh-Positive	Overall Rh-Negative
Argentina	45.40%	34.26%	8.59%	2.64%	8.40%	0.44%	0.21%	0.06%	90.89%	9.11%
Australia	40.00%	31.00%	8.00%	2.00%	9.00%	7.00%	2.00%	1.00%	81.00%	19.00%
Austria	30.00%	33.00%	12.00%	6.00%	7.00%	8.00%	3.00%	1.00%	81.00%	19.00%
Bahrain	48.48%	19.35%	22.61%	3.67%	3.27%	1.33%	1.04%	0.25%	94.11%	5.89%
Bangladesh	31.18%	21.44%	34.58%	8.85%	1.39%	0.96%	0.96%	0.64%	96.05%	3.95%
Belgium	38.00%	34.00%	8.50%	4.10%	7.00%	6.00%	1.50%	0.80%	84.60%	15.30%
Bolivia	51.62%	29.45%	10.11%	1.15%	4.39%	2.73%	0.54%	0.10%	92.2%	7.8
Brazil	36.00%	34.00%	8.00%	2.50%	9.00%	8.00%	2.00%	0.50%	80.50%	19.50%
Canada	39.00%	36.00%	7.60%	2.50%	7.00%	6.00%	1.40%	0.50%	85.10%	14.90%
Cambodia	46.70%	27.20%	18.50%	4.90%	1.30%	0.80%	0.50%	0.10%	97.30%	2.70%
Cameroon	42.80%	38.80%	12.00%	3.30%	1.40%	1.20%	0.40%	0.10%	96.90%	3.10%
Chile	85.60%	8.70%	3.35%	0.99%	1.20%	0.10%	0.05%	0.10%	98.64%	1.45%
China	47.70%	27.80%	18.90%	5.00%	0.30%	0.20%	0.10%	0.03%	99.40%	0.63%
Czech Republic	27.00%	36.00%	15.00%	7.00%	5.00%	6.00%	3.00%	1.00%	85.00%	15.00%
Denmark	35.00%	37.00%	8.00%	4.00%	6.00%	7.00%	2.00%	1.00%	84.00%	16.00%
Dominican Republic	46.2%	26.4%	16.9%	3.1%	3.7%	2.1%	1.4%	0.2%	92.6%	7.4%
Egypt	52.00%	24.00%	12.40%	3.80%	5.00%	2.00%	0.60%	0.20%	92.20%	7.80%
Estonia	29.50%	30.80%	20.79%	6.40%	4.30%	4.50%	3.00%	0.90%	66.70%	12.70%
Ethiopia	39.00%	28.00%	21.00%	5.00%	3.00%	2.00%	1.00%	1.00%	93.00%	7.00%
Finland	27.00%	38.00%	15.00%	7.00%	4.00%	6.00%	2.00%	1.00%	87.00%	13.00%
France	36.00%	37.00%	9.00%	3.00%	6.00%	7.00%	1.00%	1.00%	85.00%	15.00%
Germany	35.00%	37.00%	9.00%	4.00%	6.00%	6.00%	2.00%	1.00%	85.00%	15.00%
Guinea	46.88%	21.64%	22.86%	4.52%	2.00%	0.90%	1.00%	0.20%	95.90%	4.10%
Hong Kong	41.51%	26.13%	25.34%	6.35%	0.32%	0.17%	0.14%	0.05%	99.33%	0.68%

Analýza genomu viru COVID-19

Iceland	47.60%	26.40%	9.30%	1.60%	8.40%	4.60%	1.70%	0.40%	84.90%	15.10%
India	27.85%	20.80%	38.13%	8.93%	1.43%	0.57%	1.79%	0.49%	95.71%	4.28%
Indonesia	36.82%	25.87%	28.85%	7.96%	0.18%	0.13%	0.15%	0.04%	99.50%	0.50%
Iraq	32.20%	25.00%	25.60%	7.40%	3.60%	2.70%	2.70%	0.90%	90.20%	9.90%
Ireland	47.00%	26.00%	9.00%	2.00%	8.00%	5.00%	2.00%	1.00%	84.00%	16.00%
Israel	32.00%	34.00%	17.00%	7.00%	3.00%	4.00%	2.00%	1.00%	90.00%	10.00%
Italy	40.00%	36.00%	7.50%	2.50%	7.00%	6.00%	1.50%	0.50%	86.00%	15.00%
Jamaica	47.00%	23.00%	20.00%	3.00%	3.50%	2.00%	1.00%	0.50%	93.00%	7.00%
Japan	29.90%	39.80%	19.90%	9.90%	0.15%	0.20%	0.10%	0.05%	99.50%	0.50%
Kenya	45.60%	25.20%	21.10%	4.20%	1.80%	1.00%	0.90%	0.02%	96.10%	3.72%
Korea	36.60%	32.80%	21.00%	9.00%	0.40%	0.20%	0.09%	0.03%	99.40%	0.72%
Lebanon	38.40%	32.30%	9.40%	3.20%	7.70%	6.50%	1.70%	0.70%	83.30%	16.60%
Libya	42.64%	28.86%	11.16%	4.50%	6.26%	4.24%	1.64%	0.67%	87.16%	12.81%
Malaysia	34.32%	30.35%	27.36%	7.46%	0.17%	0.15%	0.14%	0.04%	99.49%	0.50%
Mauritania	46.30%	26.68%	17.46%	3.85%	2.80%	1.60%	1.10%	0.20%	94.29%	5.70%
Mexico	55.79%	29.90%	8.00%	1.63%	2.70%	1.50%	0.40%	0.08%	95.32%	4.68%
Mongolia	56.40%	27.70%	10.90%	4.96%	0.60%	0.30%	0.10%	0.04%	99.96%	1.04%
Nepal	35.20%	28.30%	27.10%	8.60%	0.30%	0.20%	0.20%	0.10%	99.20%	0.80%
Netherlands	39.50%	35.00%	6.70%	2.50%	7.50%	7.00%	1.30%	0.50%	83.70%	16.30%
New Zealand	38.00%	32.00%	9.00%	3.00%	9.00%	6.00%	2.00%	1.00%	82.00%	18.00%
Nigeria	51.30%	22.40%	20.70%	2.60%	1.60%	0.70%	0.60%	0.10%	97.00%	3.00%
Norway	34.00%	42.50%	6.80%	3.40%	6.00%	7.50%	1.20%	0.60%	86.70%	15.30%
Pakistan	24.63%	20.60%	34.43%	9.52%	4.17%	2.66%	3.57%	0.45%	89.18%	10.85%
Peru	70.00%	18.40%	7.80%	1.60%	1.40%	0.50%	0.28%	0.02%	97.80%	2.20%
Philippines	36.90%	28.90%	26.90%	6.97%	0.10%	0.10%	0.10%	0.03%	99.67%	0.33%
Poland	31.00%	32.00%	15.00%	7.00%	6.00%	6.00%	2.00%	1.00%	85.00%	15.00%
Portugal	36.20%	39.80%	6.60%	2.90%	6.00%	6.60%	1.10%	0.50%	85.50%	14.20%
Russia	46.00%	31.00%	9.00%	2.10%	6.00%	4.00%	1.00%	0.90%	88.10%	11.90%
Saudi Arabia	48.00%	24.00%	17.00%	4.00%	4.00%	2.00%	1.00%	0.30%	93.00%	7.30%
Serbia	31.92%	35.28%	12.60%	4.20%	6.08%	6.72%	2.40%	0.80%	84.00%	16.00%
South Africa	39.00%	32.00%	12.00%	3.00%	7.00%	5.00%	2.00%	1.00%	86.00%	15.00%
Spain	36.00%	34.00%	8.00%	2.50%	9.00%	8.00%	2.00%	0.50%	80.50%	19.50%
Sweden	32.00%	37.00%	10.00%	5.00%	6.00%	7.00%	2.00%	1.00%	84.00%	16.00%
Switzerland	26.00%	37.00%	13.00%	7.00%	5.00%	6.00%	4.00%	2.00%	83.00%	17.00%
Syria	43.00%	30.00%	14.00%	3.70%	5.00%	3.00%	1.00%	0.30%	90.70%	9.30%

Analýza genomu viru COVID-19

Taiwan	43.90%	25.90%	23.90%	6.00%	0.10%	0.10%	0.01%	0.02%	99.70%	0.23%
Thailand	40.80%	16.90%	36.80%	4.97%	0.20%	0.10%	0.20%	0.03%	99.47%	0.53%
Turkey	29.80%	37.80%	14.20%	7.20%	3.90%	4.70%	1.60%	0.80%	89.00%	11.00%
United Arab Emirates	44.10%	21.90%	20.80%	4.30%	4.30%	2.10%	2.00%	0.40%	91.10%	8.80%
United Kingdom	37.00%	35.00%	8.00%	3.00%	7.00%	7.00%	2.00%	1.00%	83.00%	17.00%
United States	37.40%	35.70%	8.50%	3.40%	6.60%	6.30%	1.50%	0.60%	85.00%	15.00%
									0.00%	0.00%
Weighted mean	33.60%	25.40%	26.80%	6.50%	3.10%	2.40%	1.50%	0.51%	92.30%	7.51%

Nejvíce jsou ohroženi lidé v těchto státech:

Stát	Skupina A (Rh+/-) % zastoupení v populaci
Rakousko	41
Belgie	40
Brazílie	42
Kanada	42
Česká republika	42
Dánsko	44
Finsko	44
Francie	44
SRN (Německo)	43
Itálie	42
Nizozemsko	42
Norsko	50
Polsko	38
Portugalsko	47
Srbsko	42
Španělsko	42
Švédsko	44
Švýcarsko	43
UK	42
USA	42

Korelace dat se skutečností je dech beroucí. V podstatě jsou ohroženy evropské země s původním obyvatelstvem a země do kterých historicky migrovali obyvatelé Evropy.

Celosvětová statistika nakažených k 23. 3. 2020 21:00.

Zdroj: <https://www.worldometers.info/coronavirus>

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
China	81,093	+39	3,270	+9	72,703	5,120	1,749	56
Italy	63,927	+4,789	6,077	+601	7,432	50,418	3,204	1,057
USA	41,569	+8,023	504	+85	187	40,878	1,040	126
Spain	33,089	+4,321	2,207	+435	3,355	27,527	2,355	708
Germany	29,056	+4,183	118	+24	422	28,516	23	347
Iran	23,049	+1,411	1,812	+127	8,376	12,861		274
France	19,856	+3,838	860	+186	2,200	16,796	2,082	304
S. Korea	8,961	+64	111	+7	3,166	5,684	59	175
Switzerland	8,547	+1,073	118	+20	131	8,298	141	988
UK	6,650	+967	335	+54	135	6,180	20	98
Netherlands	4,749	+545	213	+34	2	4,534	435	277
Austria	4,468	+886	21	+5	9	4,438	14	496
Belgium	3,743	+342	88	+13	401	3,254	322	323
Norway	2,547	+162	10	+3	6	2,531	41	470
Portugal	2,060	+460	23	+9	14	2,023	47	202
Sweden	2,046	+112	25	+4	16	2,005	104	203
Canada	2,035	+565	23	+3	320	1,692	1	54
Australia	1,717	+108	7		88	1,622	11	67
Brazil	1,629	+83	25		2	1,602	18	8
Malaysia	1,518	+212	14	+4	159	1,345	57	47
Denmark	1,450	+55	24	+11	1	1,425	55	250
Israel	1,442	+371	1		41	1,400	29	167
Turkey	1,236		30			1,206		15
Czechia	1,236	+116	1		6	1,229	19	115
Ireland	1,125	+219	6	+2	5	1,114	29	228
Japan	1,101		41		235	825	49	9
Ecuador	981	+192	18	+4	3	960	2	56
Luxembourg	875	+77	8		6	861	3	1,398
Pakistan	873	+97	6	+1	13	854		4
Poland	749	+115	8	+1	13	728	3	20
Chile	746	+114	2	+1	11	733	7	39
Thailand	721	+122	1		52	668	7	10
<i>Diamond Princess</i>	712		8		567	137	15	
Finland	700	+74	1		10	689	13	126
Greece	695	+71	17	+2	29	649	35	67
Iceland	588	+20	1		51	536	14	1,723

Analýza genomu viru COVID-19

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
Indonesia	579	+65	49	+1	30	500		2
Romania	576	+143	7	+4	73	496	15	30
Saudi Arabia	562	+51			19	543		16
Singapore	509	+54	2		152	355	14	87
Qatar	501	+7			33	468	6	174
India	499	+103	10	+3	34	455		0.4
Philippines	462	+82	33	+8	18	411	1	4
Slovenia	442	+28	3	+1		439	12	213
Russia	438	+71	1		17	420		3
South Africa	402	+128			4	398		7
Peru	395	+32	5		1	389	19	12
Bahrain	377	+43	2		164	211	3	222
Hong Kong	356	+38	4		100	252	4	47
Estonia	352	+26			4	348	4	265
Egypt	327		14		56	257		3
Mexico	316	+65	2		4	310	1	2
Croatia	315	+61	1		5	309	5	77
Panama	313		3		1	309	7	73
Colombia	277	+46	3	+1	3	271		5
Lebanon	267	+19	4		8	255	4	39
Iraq	266	+33	23	+3	62	181		7
Argentina	266		4		27	235		6
Serbia	249	+27	2		3	244	12	28
Dominican Republic	245	+43	3			242		23
Algeria	230	+29	17		65	148		5
Bulgaria	201	+14	3		3	195	8	29
UAE	198	+45	2		41	155	2	20
Taiwan	195	+26	2		28	165		8
Armenia	194				2	192	6	65
Kuwait	189	+1			30	159	5	44
San Marino	187	+12	20		4	163	13	5,511
Slovakia	186	+1			7	179	2	34
Latvia	180	+41			1	179		95
Hungary	167	+36	7	+1	16	144	6	17
Lithuania	160	+17	1		1	158	1	59
Costa Rica	158	+24	2		2	154	2	31
Uruguay	158					158	2	45
Morocco	143	+28	4		5	134	1	4
North Macedonia	136	+21	2	+1	1	133	1	65
Andorra	133	+20	1		1	131	2	1,721

Analýza genomu viru COVID-19

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
Bosnia and Herzegovina	131	+5	1		2	128	1	40
Jordan	127	+15			1	126		12
Vietnam	123	+10			17	106	2	1
Faeroe Islands	118	+3			14	104		2,415
Cyprus	116	+21	1		3	112	3	96
Moldova	109	+15	1		2	106	3	27
Malta	107	+17			2	105	1	242
Albania	104	+15	4	+2	2	98	2	36
New Zealand	102					102		21
Burkina Faso	99	+24	4		5	90		5
Sri Lanka	97	+15			2	95	2	5
Brunei	91	+3			2	89	2	208
Tunisia	89	+14	3		1	85	11	8
Cambodia	87	+3			2	85	1	5
Belarus	81	+5			22	59		9
Venezuela	77	+7			15	62	2	3
Ukraine	73		3		1	69		2
Azerbaijan	72	+7	1		10	61	3	7
Réunion	71	+7			1	70		79
Senegal	67				5	62		4
Oman	66	+11			17	49		13
Kazakhstan	62	+2				62		3
Georgia	61	+7			8	53	1	15
Palestine	59				17	42		12
Guadeloupe	58		1			57	4	145
Cameroon	56	+16			2	54		2
Liechtenstein	51	+14				51		1,338
Trinidad and Tobago	51	+1				51		36
Uzbekistan	46	+3				46		1
Martinique	44		1			43	7	117
Afghanistan	40		1		1	38		1
Cuba	40	+5	1			39	3	4
Mauritius	36	+8	2			34	1	28
DRC	36	+6	1			35		0.4
Nigeria	36	+6	1	+1	2	33		0.2
Channel Islands	36	+4				36		207
Bangladesh	33	+6	3	+1	5	25		0.2
Puerto Rico	31	+8	2	+1	1	28		11
Guam	29	+2	1			28		172

Analýza genomu viru COVID-19

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
Montenegro	27	+6	1	+1		26		43
Bolivia	27	+3				27		2
Honduras	27	+1				27		3
Macao	25	+3			10	15		39
Ivory Coast	25	+11			2	23		0.9
Ghana	24	+1	1			23		0.8
Monaco	23				1	22		586
Paraguay	22		1			21	1	3
Mayotte	21	+10				21		77
Guatemala	20	+1	1			19		1
French Guiana	20	+2			6	14		67
Guyana	19		1			18		24
Jamaica	19		1		2	16		6
Rwanda	19					19		1
French Polynesia	18					18		64
Togo	18	+2				18		2
Barbados	17	+3				17		59
U.S. Virgin Islands	17	+11				17		163
Kenya	16	+1				16		0.3
Kyrgyzstan	16	+2				16		2
Gibraltar	15				5	10		445
Isle of Man	13	+8				13		153
Maldives	13				5	8		24
Madagascar	12	+9				12		0.4
Tanzania	12					12		0.2
Ethiopia	11					11		0.10
Mongolia	10					10		3
Aruba	9				1	8		84
Equatorial Guinea	9	+3				9		6
New Caledonia	8	+4				8		28
Seychelles	7					7		71
Bermuda	6					6		96
Haiti	6	+4				6		0.5
Gabon	5		1			4		2
Saint Martin	5					5		129
Suriname	5					5		9
Curaçao	4	+1	1			3		24
Bahamas	4					4		10
Greenland	4					4		70
Guinea	4	+2				4		0.3

Analýza genomu viru COVID-19

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
Namibia	4	+1				4		2
Eswatini	4					4		3
Cayman Islands	3		1			2		46
Zimbabwe	3		1	+1		2		0.2
Angola	3	+1				3		0.09
Antigua and Barbuda	3	+2				3		31
Cabo Verde	3					3		5
CAR	3					3		0.6
Congo	3					3		0.5
El Salvador	3					3		0.5
Fiji	3	+1				3		3
Liberia	3					3		0.6
St. Barth	3					3		304
Saint Lucia	3	+1				3		16
Zambia	3					3		0.2
Gambia	2	+1	1	+1		1		0.8
Sudan	2		1			1		0.05
Nepal	2	+1				1		0.07
Benin	2					2		0.2
Bhutan	2					2		3
Mauritania	2					2		0.4
Myanmar	2	+2				2		0.04
Nicaragua	2					2		0.3
Niger	2					2		0.08
Sint Maarten	2	+1				2		47
Belize	1	+1				1		3
Chad	1					1		0.06
Djibouti	1					1		1
Dominica	1					1		14
Eritrea	1					1		0.3
Grenada	1					1		9
Vatican City	1					1		1,248
Montserrat	1					1		200
Mozambique	1					1		0.03
Papua New Guinea	1					1		0.1
St. Vincent Grenadines	1					1		9
Somalia	1					1		0.06
Syria	1					1		0.06
Timor-Leste	1					1		0.8

Analýza genomu viru COVID-19

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop
Turks and Caicos	1	+1				1		26
Uganda	1					1		0.02
Total:	373,122	35,692	16,314	1,676	101,387	255,421	12,211	47.9

Situace k 27. 3. 2020

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop	Tot Deaths/ 1M pop
USA	100,514	+15,079	1,546	+251	2,465	96,503	2,463	304	5
Italy	86,498	+5,909	9,134	+919	10,950	66,414	3,732	1,431	151
China	81,340	+55	3,292	+5	74,588	3,460	1,034	57	2
Spain	64,285	+6,499	4,940	+575	9,357	49,988	4,165	1,375	106
Germany	50,871	+6,933	342	+75	6,658	43,871	23	607	4
France	32,964	+3,809	1,995	+299	5,700	25,269	3,787	505	31
Iran	32,332	+2,926	2,378	+144	11,133	18,821	2,893	385	28
UK	14,543	+2,885	759	+181	135	13,649	163	214	11
Switzerland	12,928	+1,117	231	+39	1,530	11,167	203	1,494	27
S. Korea	9,332	+91	139	+8	4,528	4,665	59	182	3
Netherlands	8,603	+1,172	546	+112	3	8,054	761	502	32
Austria	7,657	+748	58	+9	225	7,374	128	850	6

Situace k 28. 3. 2020

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop	Deaths/ 1M pop	1 st case
World	658,347	+62,035	30,460	+3,119	141,419	486,468	25,248	84.5	3.9	Jan 10
USA	120,204	+16,078	1,997	+301	3,229	114,978	2,666	363	6	Jan 20
Italy	92,472	+5,974	10,023	+889	12,384	70,065	3,856	1,529	166	Jan 29
China	81,394	+54	3,295	+3	74,971	3,128	886	57	2	Jan 10
Spain	72,469	+6,750	5,826	+688	12,285	54,358	4,165	1,550	125	Jan 30
Germany	57,695	+6,824	433	+82	8,481	48,781	1,581	689	5	Jan 26
France	37,575	+4,611	2,314	+319	5,700	29,561	4,273	576	35	Jan 23
Iran	35,408	+3,076	2,517	+139	11,679	21,212	3,206	422	30	Feb 18
UK	17,089	+2,546	1,019	+260	135	15,935	163	252	15	Jan 30
Switzerland	14,076	+1,148	264	+33	1,530	12,282	301	1,626	31	Feb 24
Netherlands	9,762	+1,159	639	+93	3	9,120	761	570	37	Feb 26
S. Korea	9,478	+146	144	+5	4,811	4,523	59	185	3	Jan 19
Belgium	9,134	+1,850	353	+64	1,063	7,718	789	788	30	Feb 03

Analýza genomu viru COVID-19

Situace k 29. 3. 2020

Country, Other	Total Cases	New Cases	Total Deaths	New Deaths	Total Recovered	Active Cases	Serious, Critical	Tot Cases/ 1M pop	Deaths/ 1M pop	1 st case
World	710,282	+47,200	33,550	+2,694	150,734	525,998	26,703	91.1	4.3	Jan 10
USA	135,502	+11,924	2,384	+164	4,378	128,740	2,948	409	7	Jan 20
Italy	97,689	+5,217	10,779	+756	13,030	73,880	3,906	1,616	178	Jan 29
China	81,439	+45	3,300	+5	75,448	2,691	742	57	2	Jan 10
Spain	78,799	+5,564	6,606	+624	14,709	57,484	4,165	1,685	141	Jan 30
Germany	60,659	+2,964	482	+49	9,211	50,966	1,979	724	6	Jan 26
France	40,174	+2,599	2,606	+292	7,202	30,366	4,632	615	40	Jan 23
Iran	38,309	+2,901	2,640	+123	12,391	23,278	3,206	456	31	Feb 18
UK	19,522	+2,433	1,228	+209	135	18,159	163	288	18	Jan 30
Switzerland	14,829	+753	300	+36	1,595	12,934	301	1,713	35	Feb 24
Netherlands	10,866	+1,104	771	+132	250	9,845	972	634	45	Feb 26
Belgium	10,836	+1,702	431	+78	1,359	9,046	867	935	37	Feb 03

Pro zajímavost : 13. 11. 2015 byl uveřejněný článek

Chimérický netopýří virus rozvířil obavy z výzkumu

Zdroj: <http://www.gate2biotech.cz/chimericky-netopyri-virus-rozviril-obavy-z-vyzkumu/>

Důvtipný experiment, při němž vytvořili **hybridní verzi netopýřího koronaviru**, tedy viru z příbuzenstva **SARS (Severe Acute Respiratory Syndrome)**, opět vyvolal dohady. Stojí **pokusy s umělými viry**, schopnými se šířit mezi lidmi, za to riziko?

Šéf výzkumu Ralph Baric z Univerzity Severní Karolíny v Chapel Hill a jeho kolegové studovali **virus SHC014, který infikuje čínské vrápence**. Během toho vytvořili **chiméru, virus s povrchovým proteinem viru SHC014 a s vnitřnostmi viru SARS**. Tahle chiméra **infikovala lidské buňky dýchacích cest** a badatelé prokázali, že **se povrchový protein viru SHC014 může vázat na klíčový receptor buněk** a pronikat tak dovnitř. Chimérický virus také dovede infikovat buňky myši, ale nezabíjí je.

Naprostá **většina koronavirů se na dotýčný receptor lidských buněk nedovede navázat**. Virus SHC014 ale není prvním, o němž to víme. Vědci v roce 2013 objevili jiný koronavirus, který to zvládne. Shodou okolností pochází ze stejné čínské populace vrápenců. Jak se zdá, **některé netopýří koronaviry jsou schopné přímo infikovat člověka**, aniž by k tomu potřebovaly nějakého mezipřijítele.

Ze světa se ale ozývají virologové, kteří si nejsou jisti, **jestli výsledky takového výzkumu ospravedlňují riziko**, které jej doprovází. Podle Simona Waina-Hobsona z pařížského Pasteurova institutu **je sice obtížné v takovém případě zhodnotit reálné riziko, chiméra koronaviru se ale každopádně velmi dobře množí v lidských buňkách**. Kdyby se prý takový virus dostal ven, tak se nedá odhadnout, co natropí.

Autor: RNDr. Stanislav Mihulka, Ph.D.

Analýza podle zjištěných indicií

V médiích se objevují informace, že virus nemohl vzniknout evolučním vývojem, ale že byl vytvořen v laboratoři. Původcem můžou být laboratoře z USA, Číny nebo Ruska. Největší znalosti a zkušenosti v oblasti biotechnologií má USA.

Pro analýzu jsou důležitá vstupní data a těmi je genetická informace viru COVID-19. Byla stanovena hypotéza, že tento virus obsahuje fragmenty genomu viru HIV. Dostupné jsou informace genomu viru HIV-1 a HIV-2. Virus COVID-19 (SARS-CoV-2) je také již sekvenován. Jak už bylo uvedeno jedná se o virus s velkou mutagenitou, ale klíčové řídicí sekvence zůstávají téměř nezměněné.

Analýza genomu viru COVID-19

Zdrojová data jsou čerpaná z <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/Taxonomy/Browser/wwwtax.cgi?id=2697049>.

NCBI - National Center for Biotechnology

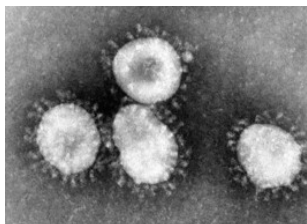
National Center for Biotechnology Information (NCBI) neboli Národní centrum pro biotechnologické informace je součástí [Národní lékařské knihovny USA](#) v areálu americké agentury [National Institutes of Health](#) (NIH, Národní zdravotní instituty). Centrum bylo založeno v roce [1988](#) a sídlí v areálu NIH v [Bethsedě](#) v [Marylandu](#). V NCBI se soustřeďují výsledky [sekvenací DNA](#) ([GenBank](#)) a registrují vědecké články ([PubMed Central](#), [PubMed](#)).

Ředitelem NCBI je David Lipman, známý svou účastí na výzkumu technologie [BLAST](#), užívané k sekvenaci DNA. (zdroj: https://cs.wikipedia.org/wiki/National_Center_for_Biotechnology_Information)

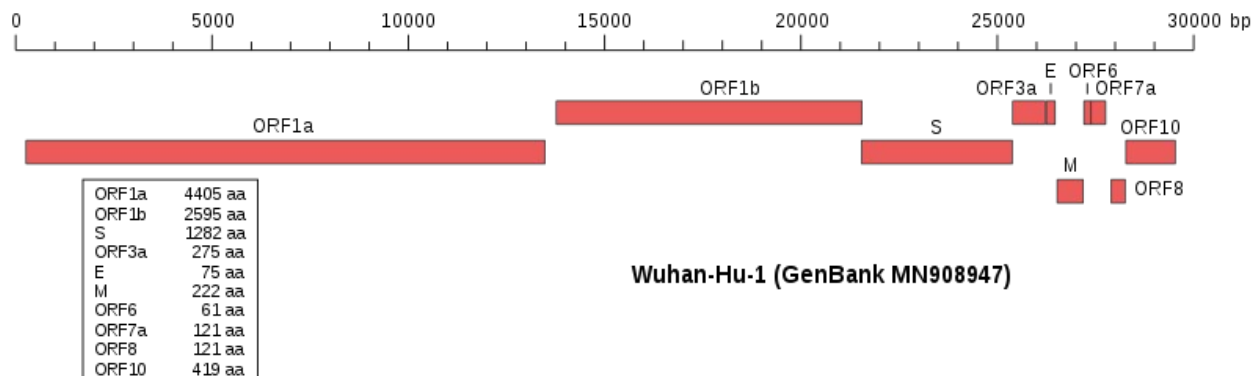
Genom viru COVID-19

>MN908947.3 Severe acute respiratory syndrome coronavirus 2 isolate Wuhan-Hu-1, complete genome – 29 903 písmen

```
ATTAAAGGTTTATACCTTCCCAGGTAACAAACCAACCAACTTTTCGATCTCTTGTAGATCTGTTCTCTAAACGAA  
CTTTAAAATCTGTGTGGCTGTCACTCGGCTGCATGCTTAGTGCACTCACGCAGTATAATTAATAACTAATTACTG  
TCGTTGACAGGACACGAGTAACTCGTCTATCTTCTGCAGGCTGCTTACGGTTTCGTCCGTGTTGCAGCCGATCA  
TCAGCACATCTAGGTTTCGTCCGGGTGTGACCGAAAGGTAAGATGGAGAGCCTTGTCCCTGGTTTCAACGAGA  
AAACACACGTCCAACCTCAGTTTGCCTGTTTTACAGGTTTCGCGACGTGCTCGTAC.....GTGAACAATGCT  
AGGGAGAGCTGCCTATATGGAAGAGCCCTAATGTGTAAAATTAATTTTAGTAGTGCTATCCCCATGTGATTTTAA  
TAGCTTCTTAGGAGAATGAC
```



SARS-CoV – velikost virové částice je cca 70 až 90 nm.



Zdroj: <https://cs.wikipedia.org/wiki/SARS-CoV-2>

Analýza genomu viru COVID-19

Baltimorova klasifikace virů

Skupina IV (ssRNA viry s pozitivní polaritou)

Vědecká klasifikace

Realm *Riboviria*

Řád *Nidovirales*

Podřád *Cornidovirineae*

Čeleď *Coronaviridae*

Podčeleď *Orthocoronavirinae*

Rod *Betacoronavirus*

Podrod *Sarbecovirus*

Druh *Severe acute respiratory syndrome-related coronavirus*^[1]

ráz / vnitrodruhový klad

SARS-CoV

Genom viru HIV-1

>NC_001802.1 Human immunodeficiency virus 1, complete genome – 9 182 písmen

```
GGTCTCTCTGGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTTAAGCCTCA
ATAAAGCTTGCCTTGAGTGCTTCAAGTAGTGTGTGCCCGTCTGTTGTGTGACTCTGGTAACTAGAGATCCCTCA
GACCCCTTTAGTCAGTGTGGAAAATCTCTAGCAGTGGCGCCCGAACAGGGACCTGAAAGCGAA.....ACCAG
ATCTGAGCCTGGGAGCTCTCTGGCTAACTAGGGAACCCACTGCTTAAGCCTCAATAAAGCTTGCCTTGAGTGC
TTC
```

Genom viru HIV-2

>KY025539.1 HIV-2 isolate LA38 from Senegal, partial genome – 10 221 písmen

```
TGGAAGGGATGTTTTACAGTGAAAGAAGACATAAAATCTTAGATGTATACTTAGAAAAGGAAGAGGGAATAAT
TGCAGATTGGCAAAACTATACCCAGGGGCCAGGAGTAAGATACCCAATGTTCTTTGGGTGGCTGTGGAAACTA
GTACCAGTAGATATCCCAAGAGGGGAAGGACACTGAGACTCACTGCTTAATGCACCCAGCAC.....CA
GTGCTTGGCCGGCACTGGGCAGACGGCTCCACGCTTGCTTGCTTAAAGACCTCTCAATAAAGCTGCCA
```

K analýze výskytu sekvencí byla použita metoda „hrubé síly“. To znamená, že proběhlo zpracování písmeno (báze) po písmenu (adenin A, guanin G, cytosin C nebo thymin T). Pro zpracování byla využita databáze MariaDB (MySQL) a skriptovací jazyk PHP.

Analýza genomu viru COVID-19

Prostředí databáze

The screenshot shows a database management tool with a sidebar on the left listing databases: Local Sorbon, information_schema (176,0 KIB), mysql, performance_schema, sys, virus_genom (693,4 MIB), hiv_1_in_covid19 (140,8 MIB), hiv_2_in_covid19 (80,0 MIB), mers_in_covid19 (239,0 MIB), sars_in_covid19 (233,4 MIB), sql_dotaz (16,0 KIB), and virus. The main window displays the 'virus_genom.virus' table with 5 rows. The table has columns: id, virus_name, description, and dna.

id	virus_name	description	dna
1	SARS-CoV-2	Wuhan seafood market pneumonia virus genome as...	ATTAAAGGTTTATACCTTCCAGGTAACAAACCAACCA...
2	HIV-1	LOCUS NC_001802 9181 bp ss-RNA line...	GGTCTCTCTGTTAGACCAGATCTGAGCCTGGGAGCTCT...
3	HIV-2	KY025539.1 HIV-2 isolate LA38 from Senegal, partial ...	TGGAAGGGATGTTTACAGTGAAAGAACATAAAATCT...
4	SARS	(NULL)	ATATTAGGTTTTTACCTACCCAGGAAAGCCAAACCAACC...
5	MERS	MG987421.1 Middle East respiratory syndrome-relate...	GATTTAAGTGAATAGCTAGCTATCTCACCCCTCTCTGCT...

Skripty v jazyce PHP

The screenshot shows a file manager window for the directory /home/tresnak/php_skripty/qenom. It lists several files with their names, extensions, sizes, and modification dates.

Název	Typ	Velikost	Datum
[..]	<DIR>		23.3.2020 13:22:46
search_fdna	php	1.1 K	22.3.2020 23:21:31
run_genom	sh	1.0 K	22.3.2020 23:27:38
redukce_fdna	php	1.1 K	24.3.2020 13:39:48
generator_fdna	php	1.1 K	22.3.2020 22:02:10

Analýza zaměřená na hledání sekvencí viru HIV-1 ve viru COVID-19 (SARS-CoV-2).

id	fdns	number	occurrence
899945	ATGTGTAAAATTAA	14	YES

id	fdns	number	occurrence
187435	AAATTGGATGACA	13	YES
260200	AGACAAGGAACTG	13	YES
412639	ATGGACAGTACAG	13	YES
419254	TGTCAATGACATA	13	YES
460120	TTAAAAATCTGAA	13	YES
493342	CTTAGTGAAATTA	13	YES
544939	ACACAAAGGAATT	13	YES
900091	TGTGTAAAATTAA	13	YES
1171306	GAAGAAGAAGGTG	13	YES

id	fdns	number	occurrence
135102	GCAGCCATGCAA	12	YES
156270	CAGGAACAAATA	12	YES
187581	AATTGGATGACA	12	YES

Analýza genomu viru COVID-19

id	fdns	number	occurrence
187875	TTGGATGACAGA	12	YES
260346	GACAAGGAACTG	12	YES
327966	AATTTCAAAAAT	12	YES
380298	CAAAAATCTTAG	12	YES
412785	TGGACAGTACAG	12	YES
419400	GTCAATGACATA	12	YES
449388	TCAAAAAGACTTA	12	YES
460266	TAAAAATCTGAA	12	YES
480846	TACAAAAGGAAA	12	YES
483933	CATGGTGGACAG	12	YES
493488	TTAGTGAAATTA	12	YES
545085	CACAAAGGAATT	12	YES
723690	CTGTTTTTCAGA	12	YES
732069	GTGTGAATATCA	12	YES
740742	CATTAAATAACAC	12	YES
900237	GTGTAAAATTAA	12	YES
955656	GTACAATGTACA	12	YES
1003872	GAAATAATAAAA	12	YES
1171452	AAGAAGAAGGTG	12	YES

Rozložení fragmentů genomu viru HIV-1 v genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
14	1
13	9
12	22
11	80
10	335
9	1062
8	2527
7	3351
6	1546
5	240
4	148

Analýza genomu viru COVID-19

Analýza zaměřená na hledání sekvencí viru HIV-2 ve viru COVID-19 (SARS-CoV-2).

id	fdns	number	occurrence
614412	GCTTTAAGGCATTTTGA	17	YES

id	fdns	number	occurrence
614508	CTTTAAGGCATTTTGA	16	YES

id	fdns	number	occurrence
614604	TTTAAGGCATTTTGA	15	YES

id	fdns	number	occurrence
302942	AAAAAGGACAAAAA	14	YES
614700	TTAAGGCATTTTGA	14	YES

id	fdns	number	occurrence
303038	AAAAGGACAAAAA	13	YES
323117	CAGTGAACAATGC	13	YES
427295	TTAATGTTATAGT	13	YES
474340	AGGCAAACAGCAC	13	YES
564065	TCCTGCTGCAAAT	13	YES
614796	TAAGGCATTTTGA	13	YES
715579	TATGAGGTTTAGA	13	YES
864183	CCAGAGAAGAAAC	13	YES

Rozložení fragmentů genomu viru HIV-2 v genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
17	1
16	1
15	1
14	2
13	8
12	29
11	95
10	313
9	1062
8	2665

Analýza genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
7	3768
6	1904
5	361
4	100

Kontrolní skupinou byl genom viru SARS a MERS

Rozložení fragmentů genomu viru SARS (AY274119.3 Tor2) v genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
96	1
95	1
94	1
93	1
92	1
91	1
90	1
89	1
88	1
87	1
86	1
85	1
84	1
83	1
82	1
81	1
80	1
79	1
78	1
77	1
76	1
75	2
74	2
73	2
72	2

Analýza genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
71	2
70	2
69	2
68	2
67	2
66	2
65	2
64	2
63	3
62	4
61	4
60	4
59	5
58	5
57	5
56	5
55	5
54	5
53	8
52	8
51	9
50	9
49	9
48	9
47	12
46	12
45	12
44	14
43	15
42	15
41	18
40	18
39	18
38	22
37	25

Analýza genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
36	29
35	35
34	37
33	37
32	45
31	45
30	47
29	56
28	58
27	62
26	74
25	76
24	82
23	108
22	114
21	119
20	158
19	164
18	171
17	229
16	244
15	272
14	392
13	438
12	542
11	919
10	1689
9	3854
8	7793
7	8016
6	2987
5	400
4	100

Analýza genomu viru COVID-19

Rozložení fragmentů genomu viru MERS (MG987421.1, NL140455) v genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
32	1
31	1
30	1
29	1
28	1
27	1
26	1
25	1
24	1
23	1
22	2
21	2
20	3
19	4
18	4
17	5
16	6
15	12
14	27
13	50
12	135
11	414
10	1302
9	3898
8	8814
7	10466
6	4605
5	712
4	101

Kapsidový protein gp120

Zdroj: <https://www.ebi.ac.uk/ena/data/view/AAF69492>

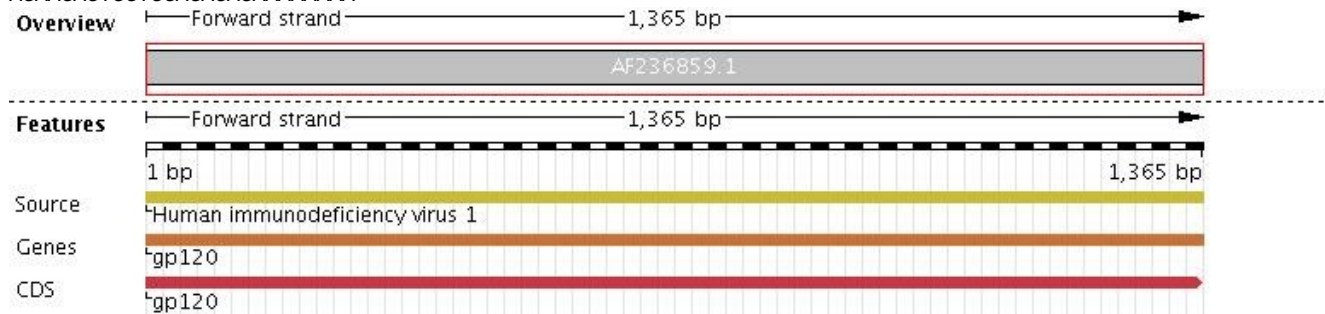
Protein umožňující velmi rychlý průnik do epiteliálních buněk dýchací soustavy. Právě tento protein je odpovědný za jiné chování viru a jeho šíření kapénkovou infekcí a enormní nakažlivost.

↑ Sequence: [AF236859.1](#)
🏠 Taxon: [Taxon:11676](#)
➡ InterPro [IPR000777](#), [IPR036377](#)
➡ UniProtKB/ [Q9IZE4](#)
TrEMBL

Kompletní sekvence proteinu GP120 – 1365 písmen

>ENA|AAF69492|AAF69492.1 Human immunodeficiency virus 1 partial gp120

```
GTTCCTGTGTGGAGAGATGCAGATACCACCCTATTTTGTGCATCAGATGCCAAATCACATGTGACAGAAGCACACAATGTCTGGGCCACACATGCCTGTGTAC
CCACAGACCCCAACCCGCAAGAAATACACCTGGAAAATGTAACAGAAAAATTTTAACATGTGGAAAAATAACATGGTAGAGCAGATGCAGGAGGATGTAATCAG
TTTATGGGAGCAAAGTCTAAAGCCATGTGTAAGGTTAACTCCTCTCTGCGTTACTTTAAATTTGTACCAATGCTAATTTGACCAATGCTAATTTGACCAATGCT
AATAACATAACCAATGTAGAAAAATAACAGATGAGGTAAGAACTGTTCTTTTAAATGTAACACAGACCTAAGAGATAAGCAGCAGAAGGTCCATGCACCTTT
TTTATAGGCTTGATATAGTACAAATTAATAGTAAGAATAGTAGTGATTATAGGTTAATAAATTGTAATACTTCAGTTATTAAGCAGGCTTGTCCTAAAGATATC
CTTTGATCCAATTCCCTATACATTATTGTACTCCAGCTGGTTATGCGATTTTAAAGTGTAATGATAAAAAATTTCAATGGGACAGGGCCATGTAAAAATGTCAGC
TCAGTACAATGCACACATGGAATTAAGCCAGTGGTATCAACTCAATTGCTGTTAAATGGCAGTCTAGCAGAAGAAGAGATAAATCAGATCTGAAAAATCTC
ACAAACAATGTCAAAACCATAATAGTGCACCTTAATAAATCTGTAGAAATCAATTGTACCAGACCCTCCAACAATACAAGAACCAGTATAACTATAGGACCAG
GACAAGTATTCTATAGAACAGGAGACATAATAGGAGATATAAGGAAAGTATCTTTGTGAGCTTAACGGAACAAAAATGGAATGAAGTTTTAAACAGGTAAGGA
AAAATTTAAAGAGCCTTTAATAAGAACATAAGCTTTCAACCACCTCAGGAGGAGATCTAGAAATTACAATGCATCATTTTGTAGAGGGGAATTTTTC
TATTGCAATACAACACAATGTTTAAATAACTTACAGTAATGGCACTATCACACTTCATGCAAGATAAAGCAAATTATAAATCATGTGGCAGGGAGTAGGAC
AAGCAATGTATGCTCCTCCCATCAGTGGAAGAATTAATTGTTTATCAATATACAGGGTTGCTATTAAACAAGAGATGGTAATAATGGGACCAATGAGACCTT
TAGACCTGGAGGAGGAAATATAAGGACAATTGGAGAAGTGAATTATATAAATGTAAGTAGTACAATTGAACCACTAGGAATAGCACCCACCAAGGGCAAAG
AGAAGAGTGGTGGAGAGAGAAAAAAA
```



Po provedení transkripce pomocí Transcription and Translation Tool (DNA → RNA → protein) na stránkách <http://biomodel.uah.es/en/lab/cybertory/analysis/trans.htm> vzniká docela složitý protein.

Protein je složený z jednotlivých aminokyselin. Podle zdroje

<https://cs.wikipedia.org/wiki/Aminokyselina> existuje 23 aminokyselin, které jsou značeny písmeny G, A, V, L, I, D, N, E, Q, R, K, H, F, S, T, Y, W, M, C, P, 21(SeCys), 22 (Pyl) a 23 (f-Met).

Analýza genomu viru COVID-19

GP 120 – seznam aminokyselin

VPVWRDADTTLFCASDAKSHVTEAHNVWATHACVPTDPNPQEIHLENVTENFNMWKNNMVE
QMVEDVISLWEQSLKPCVKLTPLCVTLNCTNANLTNANLTNANNITNVENITDEVNCSFNVT
TDLRDKQQKVHALFYRLDIVQINSKNSSDYRLINCNTSVIKQACPKISFDPIPIHYCTPAGYAILK
CNDKNFNGTGPKNVSSVQCTHGIKPVVSTQLLLNGSLAEEEEIIIRSENLTNNVKTIIVHLNKS
EINCTRPSNNTRTSITIGPGQVFYRTGDIIGDIRKVSCELNGTKWNEVLKQVKEKLKEHFNKNIS
FQPPSGGDLEITMHHFSCRGEFFYCNTTQLFNNTYSNGTITLPCKIKQIINMWQGVGQAMYAPP
ISGRINCLSNITGLLLTRDGNNGTNETFRPGGGNIKDNWRSELYKCKVVQIEPLGIAPTRAKRRV
VEREKK

Analýza zaměřená na hledání sekvencí GP120 ve viru COVID-19 (SARS-CoV-2).

id	fdns	NUMBER	occurrence
84983	GTGAGCTTAACGGA	14	YES

id	fdns	NUMBER	occurrence
13008	GAAAATGTAACAG	13	YES
85079	TGAGCTTAACGGA	13	YES

id	fdns	NUMBER	occurrence
13104	AAAATGTAACAG	12	YES
56269	AAATTTCATGG	12	YES
85175	GAGCTTAACGGA	12	YES
63350	TCAACTCAATTG	12	YES
96621	TGCATCATTTTA	12	YES

id	fdns	NUMBER	occurrence
13200	AAATGTAACAG	11	YES
56365	AATTTCAATGG	11	YES
1269	AGATGCAGATA	11	YES
85271	AGCTTAACGGA	11	YES
63252	ATCAACTCAAT	11	YES
99045	ATTTTTCTATT	11	YES
63446	CAACTCAATTG	11	YES

Analýza genomu viru COVID-19

id	fdns	NUMBER	occurrence
84689	CTTGTGAGCTT	11	YES
14170	GAAAATTTTAA	11	YES
96717	GCATCATTTTA	11	YES

id	fdns	NUMBER	occurrence
1365	GATGCAGATA	10	YES
2917	TATTTTGTGC	10	YES
13296	AATGTAACAG	10	YES
14266	AAAATTTTAA	10	YES
14460	AATTTTAACA	10	YES
21444	CTAAAGCCAT	10	YES
29592	GCTAATAACA	10	YES
31144	ATGTAGAAAA	10	YES
32211	ATAACAGATG	10	YES
34636	CTTTTAATGT	10	YES
38904	CATGCACTTT	10	YES
39001	ATGCACTTTT	10	YES
40262	TAGGCTTGAT	10	YES
41426	AGTACAAATT	10	YES
41620	TACAAATTAA	10	YES
49283	GATATCCTTT	10	YES
51126	CCTATACATT	10	YES
54327	ATTTTAAAGT	10	YES
55685	TGATAAAAAT	10	YES
56461	ATTTCATGG	10	YES
58789	AAAATGTCAG	10	YES
63542	AACTCAATTG	10	YES
66452	AGAAGAAGAG	10	YES
74018	AGAAATCAAT	10	YES
80032	AAGTATTCTA	10	YES
84785	TTGTGAGCTT	10	YES
85367	GCTTAACGGA	10	YES
95746	AAATTACAAT	10	YES
96813	CATCATTTTA	10	YES
98947	AATTTTCTA	10	YES

Analýza genomu viru COVID-19

id	fdns	NUMBER	occurrence
99141	TTTTTCTATT	10	YES

Rozložení fragmentů genomu proteinu GP v genomu viru COVID-19

length_fdan	number_of_sequences
14	1
13	2
12	5
11	10
10	31
9	129
8	345

Šíření koronaviru může napomáhat znečištění ovzduší

Zdroj: 28. 3. 2020 www.novinky.cz

Šíření koronaviru, kterým se po celém světě nakazilo více než 600 tisíc lidí, může souviset se znečištěním ovzduší. Vyplývá to ze studie publikované italskými vědci, o které informoval list The Economist. Odborníci se domnívají, že virus SARS-CoV-2 se může přenášet i za pomoci prachových částic.

Tým chemika Leonarda Settiho z univerzity v severoitalské Boloni se snažil vyzkoumat, proč se virus šíří mnohem rychleji na severu Itálie - konkrétně v industrializované Pádské nížině - než v jiných částech země. Odborníci zjistili, že denní bilance potvrzených případů nákazy v severní Itálii úzce souvisí s úrovní znečištění, což může mít dva různé důvody. Jejich hypotéza se kloní k vysvětlení, že pevné prachové částice v ovzduší mohou virus přenášet na svém povrchu. V Pádské nížině je těchto částic podstatně více než ve zbytku země.

Vědci vycházeli z předchozích studií, které uvádějí, že se podobným způsobem mohou šířit i jiné viry - jako například ty způsobující chřipku, infekce dýchacích cest nebo spalničky.

Studie Settiho týmu ještě neprošla recenzní fází mezi jinými odborníky v oboru. Tato praxe není však u nových studií ohledně viru SARS-CoV-2 ničím nevídaným, poznamenává list. Akademici vycházejí z předpokladu, že pozdržení publikace výzkumů je za současné krize doslova otázkou života a smrti.

I přesto existuje šance, že snížení množství pevných částic v ovzduší přispěje ke zpomalení šíření viru - podobně jako třeba dobrovolná sociální izolace, uzavírá The Economist.

Analýza genomu viru COVID-19

Tato informace potvrzuje hypotézu, že viry se mohou šířit na velké vzdálenosti. Důkazem přenosu prachových částic je např. písek ze Sahary nebo prach z Ukrajinských polí. Pylová zrna se rozpadají na částice o velikosti **50, 100 až 200 nm** a jsou unášena na desítky až stovky kilometrů. SARS-CoV2 o velikosti **70 až 90 nm** se může ve vzduchu volně vznášet a jeho pohyb je přímo ovlivněn klimatickou situací prostředí ve kterém se nachází. Nejrizikovějším prostředím jsou hromadné dopravní prostředky (autobusy, vlaky, tramvaje (šaliny), metro, letecká doprava) a prostory s velkou koncentrací lidí (nákupní centra, kina, divadla, **nemocnice, domovy pro seniory** atd.).

Nejvhodnější dezinfekcí je pro uzavřené prostory ozon (O₃). V domácnostech se doporučuje provozovat čističky vzduchu s HEPA filtrem (záchyt částic od 20 nm), UV lampou a ionizací (záporně nabitě kyslíkové ionty).

Šíření virů v rámci ČR a celé Evropy se dá predikovat na základě povětrnostní situace tj. směr větrů a jejich rychlost. Důležitá je také znalost těchto parametrů v rámci nadmořské výšky. Důležitou roli hraje termika atmosféry.

Závěr

Podle provedené analýzy jde jednoznačně konstatovat, že virus COVID-19 (SARS-CoV2) obsahuje genové fragmenty jak viru HIV-1 tak viru HIV-2. **Výraznější co do délky fragmentů je virus HIV-2.** Otázkou zda fragmenty se nacházejí v mutagení části genomu nebo v řídicí a tudíž klíčové pro činnost viru není zatím zodpovězena.

Virus HIV proniká do buněk prostřednictvím molekuly CD4, která se nachází především na T-lymfocytech, dále na monocytech, dendritických a gliových buňkách. Poškozuje hlavně CD4+ (pomocné) T-lymfocyty, množí se v nich, ničí je a výrazně snižuje jejich množství v těle infikovaného člověka.

HIV využívá pro průnik do buněk protein **gp120**

- gp41 – část ukotvená v membráně;
- **gp120** – část vyčnívající zevně, připojená k gp41.

Kdežto COVID-19 napadá hlavně Pneumocyt (souhrnné označení pro několik typů plicních buněk). Pneumocyty se podílejí na stavbě plicních sklípků (alveol). Přímo nebo nepřímo zajišťují přenos plynů (kyslíku a oxidu uhličitého) mezi vzduchem v plicích a krvi.

Jednoznačně lze konstatovat, že se v COVID-19 nachází výrazné fragmenty vztažené k proteinu GP120. Bude se jednat o modifikovaný protein, který umožňuje vstup viru do pneumocytyckých buněk.

Analýza genomu viru COVID-19

Pro kontrolu jsem srovnal COVID-19 s virem SARS a MERS. Jednoznačně lze konstatovat, že virus COVID-19 je „bratrem“ viru SARS.

„Virus je přesně šitý na člověka a je málo pravděpodobné, že by vznikl v přírodě. Jedná se hlavně o regulační genom, vazby na receptory a proteázu“ – říká **MUDr. Jaroslav Svoboda** (Imunolog, Internista).

Nedostatečné z hlediska osobní ochrany jsou roušky a to jak papírové tak látkové. Virové částice rouškou projdou jako „moucha drátěným potem“. Rozměr virové částice je 70 až 90 nm. Ano, kapénky jsou částečně rouškou zachyceny, ale to je tak vše. I respirátory třídy FFP 3 zachycují minimálně 99 % pevných částic nacházejících se ve vzduchu až do velikosti **0,6 µm tj 600 nm**. Umisťovat nemocné do obrovských hal pro tisíce pacientů je **fatální chyba**, která způsobí zvýšení přenosu viru a personál je daleko více exponován (nepomůžou respirátory FFP3). Je nutné použití ochranných obleků a celoobličejové masky s vlastním zdrojem vzduchu.

Nejvhodnější osobní ochranou se jeví respirátor FFP3 + rouška + ochranné brýle.

V ideálním případě je nutné nemocné izolovat samostatně (viz příloha: e-mailová komunikace s MZČR).

Dále zůstává nezodpovězeno:

1. Po odeznění příznaků (vyléčení) zůstává vir COVID-19 v lidském těle?
2. Vytváří se trvalé protilátky? Jeví se, že lidské tělo si nevytváří trvale protilátky.
3. Je vir COVID-19 chováním podobný jako virus chřipky tj. bude se jednat o sezónní onemocnění?
4. Jaké jsou dočasné a trvalé následky?
5. Ovlivňuje virus COVID-19 funkčnost reprodukční soustavy mužů a žen? **Čínské studie naznačují, že ANO.**

Další fakta jsou uvedeny v příloze tohoto dokumentu.

Příloha

26. 3. 2020 - Koronavirus a Gatesova nadace

Zdroje:

- <http://www.zvedavec.org/komentare/2020/03/8251-koronavirus-a-gatesova-nadace.htm>
- <https://journal-neo.org/2020/03/18/coronavirus-and-the-gates-foundation/>

Pravděpodobně nikdo nebyl v podporování a financování výzkumu vakcín, zaměřených na boj s koronavirem, aktivnější, než Bill Gates a Nadace Billa a Melindy Gatesových. Od sponzoringu simulace globální pandemie koronaviru, která byla provedena jen pár týdnů před oznámením vypuknutí nákazy ve Wu-chanu, až po financování mnohých snah korporace přijít s novou očkovací látkou na zjevně nový virus - to vše je spojeno s přítomností Gatese. Co to vlastně znamená?

Musíme uznat, že Bill Gates má přinejmenším vědecké schopnosti. Již celé roky tvrdí, že přijde globální zabijácká pandemie, a že na ni nejsme připraveni. Gates přednesl 18. března 2015 na konferenci TED ve Vancouveru projev o epidemiích. Ten den na svém blogu napsal: „Právě jsem krátce hovořil o tématu, které jsem v poslední době hodně studoval - o epidemii. Epidemie eboly v západní Africe je tragédie - v době, kdy toto píšu, zemřelo přes 10 000 lidí.“ Gates poté dodává: „Ano, tato epidemie je strašná, ale ta další by mohla být mnohem horší. Svět prostě není připraven na to, aby se vypořádal s takovou nemocí - obzvláště například s prudce nakažlivou chřipkou - která by velmi rychle infikovala velké množství lidí. Ze všeho, co by mohlo zabít 10 milionů lidí nebo více, je zdaleka nejpravděpodobnější [epidemie](#).“

Ve stejném roce (2015) Bill Gates napsal článek pro časopis New England Journal of Medicine s názvem „Příští epidemie: Lekce z eboly“. Zde hovořil o speciální třídě léčiv, která „dají pacientům řadu konkrétních konstruktů, založených na RNA, které jim umožní produkovat specifické proteiny (včetně protilátek). Ačkoli je to velmi nová oblast, je to slibné, protože je možné, že by mohla být navržena bezpečná terapie, a mohla by být poměrně rychle uvedena do výroby ve velkém měřítku. Zásadnější výzkum, a také vývoj v biotechnologických společnostech, jako jsou Moderna a CureVac, by nakonec mohly z tohoto přístupu učinit klíčový nástroj pro [zastavení epidemií](#).“ Moderna a CureVac dnes získávají finanční prostředky od Gatesovy nadace a jsou na čelním místě, pokud jde o vývoj schválené vakcíny COVID-19, založené na mRNA.

2017 a založení Koalice pro inovace epidemické připravenosti (CEPI)

Globální pandemie nemoci, která je podobná chřipce, je ve skutečnosti něco, na co se Gates a jeho dobře dotovaná nadace roky připravovali. V roce 2017 během Světového ekonomického fóra v Davosu založil Gates společně s vládami Norska, Indie, Japonska a Německa, a také s britskou charitativní

Analýza genomu viru COVID-19

organizací Wellcome Trust, tak zvanou Koalici pro inovace epidemické připravenosti. Jejím účelem, tak jak bylo zveřejněno, je „urychlit vývoj vakcín, které budeme potřebovat, abychom zabránili šíření“ [budoucích epidemií](#). V té době poznamenal, že „jedna slibná oblast výzkumu vývoje vakcín spočívá ve využití pokroků v genomice ke zmapování DNA a RNA patogenů a výrobě vakcín.“ K tomu se ještě vrátíme.

Event 201 (simulace pandemie)

Bill Gates a nadace rozjeli v průběhu roku 2019 na plné obrátky své pandemické scénáře. Natočil video pro Netflix, které mělo až strašidelný imaginární scénář. Ve videu, které je součástí série „Explained“ („Objasněno“), je představen trh v Číně (na němž se zabíjejí zvířata), jenž je plný živých i mrtvých zvířat, kde se objeví vysoce smrtící virus, který se šíří globálně po celém světě. Gates se ve videu objevuje jako odborník, který varuje: „Pokud přemýšlíte o tom, co by mohlo přijít a zabít miliony lidí, tak pandemie je naše největší riziko.“ Řekl, že pokud se neudělá nic pro lepší přípravu na pandemii, přijde čas, kdy se svět začne ohlížet zpět a přát si, aby v minulosti více investoval do potenciálních vakcín. K tomu došlo několik týdnů předtím, než se svět dozvěděl o netopýrech a mokřím trhu se živými zvířaty v [čínském Wu-chanu](#).

V říjnu 2019 začala Gatesova nadace spolupracovat se Světovým ekonomickým fórem a Centrem pro zdravotní bezpečnost z prestižní Johns Hopkins School of Public Health, aby schválili tzv. simulaci „fikčního“ scénáře, které se zúčastnili i přední světové osobnosti z oblasti veřejného zdraví. Tato epidemiologická hra dostala název „Event 201“.

Jak je popsáno na jejich webu, Event 201 simulovala „vypuknutí nákazy novým koronavirem, přenášeným z netopýrů na prasata a poté na lidi, který je nakonec přenosný z člověka na člověka, což vede k vážné pandemii. Patogen a onemocnění, které způsobuje, jsou modelovány převážně na SARS, ale v komunitě jej lidé s [mírnými příznaky](#) přenáší mnohem více.“

Ve scénáři Event 201 nemoc pochází z chovu prasat v Brazílii, šíří se v regionech, kde žijí lidé s nízkými příjmy, a nakonec je z ní epidemie. Nemoc se dál šíří leteckou dopravou do Portugalska, USA a Číny a dále, a žádná země epidemii nezvládá. Ve scénáři se popisuje, že v prvním roce nebude dostupná žádná vakcína. „Protože je celá lidská populace náchylná k této nemoci, během prvních měsíců pandemie se kumulativní počet případů exponenciálně navýší, a každý týden se zdvojnásobí.“

Scénář poté končí po 18 měsících, kdy fiktivní koronavirus má na svědomí 65 milionů úmrtí. „Pandemie se začíná snižovat kvůli klesajícímu počtu lidí, náchylných k této nemoci. Pandemie by jinak pokračovala až do chvíle, než by byla vynalezena účinná vakcína nebo dokud by se nenakazilo 80 až 90 procent světové populace.“

Event 201 - hráči

Stejně tak, jako je zajímavý prorocký fiktivní scénář simulace Event 201 z října 2019, může být zajímavý i seznam účastníků, pozvaných k účasti na hře o imaginární globální nákaze.

Analýza genomu viru COVID-19

Mezi vybranými „hráči“, jak je nazývají, byl i George Fu Gao. Profesor Gao je od roku 2017 ředitelem čínského Centra pro prevenci a kontrolu nemocí. Jeho specializace zahrnuje výzkum „přenosu mezidruhových virů chřipky (host jump)... Také se zajímá o ekologii virů, zejména o vztah mezi virem chřipky a stěhovavých ptáků, nebo o trhy s prodejem živé drůbeže a ekologii virů, pocházejících od netopýrů, a [molekulární biologii](#).“ Ekologii virů, pocházejících od netopýrů...

Kromě profesora byla v týmu i Avril Hainesová, bývalá zástupkyně ředitele CIA v době Obamova prezidentování, která působila také jako Obamova poradkyně v rámci národní bezpečnosti. Dalším z hráčů Gatesovy hry byl kontradmirál Stephen C. Redd, ředitel Úřadu pro ochranu a připravenost veřejného zdraví v Centru pro kontrolu a prevenci nemocí (CDC). Právě CDC je v centru obrovského skandálu, protože nemá k dispozici adekvátní funkční testování na onemocnění COVID-19 v USA. Jejich připravenost nebyla v žádném případě chválná.

Do skupiny ještě patřil Adrian Thomas, viceprezident obrovské lékařské a farmaceutické společnosti Johnson & Johnson, provázené skandálem. Thomas je v této společnosti zodpovědný za pandemickou připravenost, včetně vývoje vakcín proti ebole, horečce dengue a HIV. Dalším z účastníků byl Martin Knuchel, ředitel krizového oddělení a managementu obchodní kontinuity ve společnosti Lufthansa Group Airlines. Lufthansa byla jednou z hlavních leteckých společností, která během pandemické krize COVID-19 výrazně omezila lety.

To vše poukazuje na to, že Bill Gates byl velmi posedlý možností rozšíření globální pandemie, o níž uvedl, že by mohla být ještě větší, než úmrtí způsobená záhadnou španělskou chřipkou v roce 1918, a jeho varování trvala nejméně posledních pět let. Nadace Billa a Melindy Gatesových se kromě jiného také podílí na financování vývoje nových vakcín za pomoci nové a riskantní metody editace genů **CRISPR** a dalších technologií.

Vakcíny proti koronaviru

Finance z Gatesovy nadace podporují vývoj vakcíny na všech frontách. Biotechnologická společnost Inovio Pharmaceuticals v Pensylvánii obdržela 9 milionů dolarů od Koalice pro inovace epidemické připravenosti (CEPI), podporované Gatesem, aby vyvinula vakcínu INO-4800, která má být testována na lidech v dubnu, což je podezřele rychlý časový rámec. Kromě toho Gatesova nadace poskytla nedávno této společnosti dalších 5 milionů dolarů na vývoj patentovaného chytrého zařízení pro intradermální aplikaci [nové vakcíny](#).

Navíc peníze z Gatesovy nadace financují prostřednictvím koalice CEPI vývoj radikální nové očkovací metody, známé jako messengerRNA nebo mRNA.

Spolufinancují americkou biotechnologickou společnost Moderna Inc. v Cambridge, ve státě Massachusetts, která vyvíjí vakcínu proti novému koronaviru, který se poprvé objevil v čínském městě Wu-chan, nyní nazývanému SARS-CoV-2. Partnerem této společnosti Moderna je americký Národní institut pro alergie a infekční choroby (NIAID), jenž je součástí Národního ústavu zdraví (NIH). Šéfem

Analýza genomu viru COVID-19

institutu NIAID je Dr. Anthony Fauci, který je zároveň členem pracovní skupiny pro koronavirovou krizi při Trumpově administrativě. Na vakcíně Fauci-Gates Moderna mRNA-1273 je pozoruhodné zvláště to, že byla připravena v řádu několika týdnů, nikoli let, a že 24. února ji obdržel Fauciho institut, aby ji testoval přímo na lidských pokusných králících, nikoli na myších, jak je to běžné. Tal Zaks, hlavní lékařský poradce ve společnosti Moderna, uvedl: „Nedomnívám se, že testování na zvířecím modelu je na kritické cestě k tomu, aby mohlo dojít ke [klinickým testům](#).“

Dalším pozoruhodným přiznáním Moderny je právní informace na jejich webových stránkách - „Zvláštní poznámka, týkající se výhledových prohlášení:... Tato rizika, nejistoty a další faktory zahrnují mimo jiné:... fakt, že nikdy neexistoval komerční produkt, využívající technologii mRNA, [schválenou k použití](#).“ Jinými slovy, zcela neověřený dopad na lidské zdraví a bezpečnost.

Další biotechnologickou společností, která pracuje s neověřenou technologií mRNA na vývoji vakcín pro COVID-19, je německá společnost CureVac. Od roku 2015 získala CureVac peníze z Gatesovy nadace na vývoj své [vlastní technologie](#) mRNA. Gatesem podporovaná Koalice pro inovace epidemické připravenosti (CEPI) v lednu udělila více než 8 milionů dolarů na vývoj vakcín mRNA [na nový koronavirus](#).

K tomuto faktu si přidejte skutečnost, že Gatesova nadace a související subjekty, jako je CEPI, představují největší financovatele veřejně-soukromého subjektu, známého jako Světová zdravotnická organizace (WHO), jejíž současný ředitel Tedros Adhanom - historický první ředitel WHO, který není doktor medicíny - pracoval celá léta na HIV v rámci Gatesovy nadace v době, kdy byl ministrem vlády v Etiopii. Skutečně vidíme, že prakticky neexistuje žádná oblast současné koronavirové pandemie, kde bychom nenašli otisky všudypřítomného Gatese. Zda je to pro dobro lidstva nebo důvod k obavám, ukáže jen čas.

25. 3. 2020 - v New Yorku pacientům s koronavirem podávají vysoké dávky vitamínu C

Zdroj:<https://www.novinky.cz/zahranicni/koronavirus/clanek/v-new-yorku-pacientum-s-koronavirem-podavaji-vysoke-davky-vitaminu-c-40317976>

Newyorské nemocnice zkouší pacienty nakažené novým koronavirem léčit také za pomoci nitrožilních dávek vitamínu C. V rozhovoru pro deník New York Times to uvedl lékař Andrew Weber ze společnosti Northwell Health, největšího provozovatele zdravotnické péče v New Yorku.

Lékaři napříč New Yorkem pacientům na jednotkách intenzivní péče nitrožilně podávají dávky vitamínu C, které by měly pomoci v boji s nákazou novým koronavirem.

Weber, jenž je pneumologickým specialistou, svým pacientům na jednotce intenzivní péče okamžitě podává dávku 1500 miligramů vitamínu C, další dávky jsou poté opakovány třikrát až čtyřikrát denně. Každá z nich je přitom až 16krát vyšší, než je doporučená denní dávka vitamínu C pro dospělého člověka.

Analýza genomu viru COVID-19

Weber v rozhovoru uvedl, že takový postup je založen na experimentálních léčbách onemocnění COVID-19 v Číně, kde v polovině února proběhla klinická studie účinnosti nitrožilního podávání vitamínu C pacientům s koronavirem.

„Pacienti, kterým byl vitamin C podáván, na tom byli lépe než ostatní. Obrovsky to pomáhá, ale moc se o tom nemluví, protože obyčejný vitamin C nezní tak zajímavě,“ uvedl Weber.

Vitamin C je proti koronaviru hojně využíván, záleží však na podávaném množství, které určuje lékař,” řekl Jason Molinet, mluvčí společnosti Northwell Health. Ta v New Yorku provozuje 23 nemocnic, v nichž se léčí zhruba 700 pacientů nakažených novým koronavirem. Kolika z nich je podáván v rámci léčby vitamin C ovšem mluvčí neupřesnil.

Ve státě New York bylo zatím potvrzeno téměř 26 tisíc případů nákazy novým koronavirem, z čehož 15 tisíc případů je právě v nejlidnatějším městě Spojených států.

25. 3. 2020 - v USA umožnili léčit těžké případy Covid-19 plazmou vyléčených

Ve Spojených státech by se mohli lidé s nemocí Covid-19 léčit plazmou z krve vyléčených. Použití takové plazmy u těžkých případů v úterý usnadnil americký Federální úřad pro potraviny a léky (FDA), uvedl server NPR. V takové plazmě jsou protilátky na virus, které vyprodukoval organismus nemocného. Čína už tuto metodu použila v únoru.

„Za krizové situace ve zdravotnictví způsobené šířící se epidemií Covid-19 v době, kdy se ještě provádějí klinické testy, usnadňuje FDA přístup k plazmě vyléčených z nemoci Covid-19 pro užití u pacientů s Covid-19 ve vážném stavu a ve stavu ohrožení života,“ uvedl úřad.

Americké nemocnice čekají na souhlas, aby mohly zahájit infuze plazmy jak u nemocných, tak ji použít jako dočasnou vakcínu u lidí, u nichž panuje vysoké nebezpečí nákazy. Zatím musí každý jednotlivý případ použití nadále schvalovat FDA. V krizové situaci, kdy jde o hodiny, však lze použít i horkou linku a získat souhlas ústně.

„FDA otevřela stavidla,“ uvedl profesor Jeffrey Henderson z Washingtonovy univerzity v St. Louis, „naše instituce spěchá, aby byla připravena stejně jako mnozí jiní.“

Federální úřad schválil použití plazmy od vyléčených lidí poté, co se pro ně vyslovil guvernér státu New York Andrew Cuomo. Předpokládá se, že protilátky v plazmě by mohly pomoci při léčbě, potvrzeno to však není.

I když krevní plazmu od vyléčených dárců použila jako první už minulý měsíc Čína, stále nelze považovat za ověřené, že postup funguje. V nejhorším případě panuje dokonce hrozba, že se stav nemocných ještě zhorší.

Analýza genomu viru COVID-19

USA čelí prudce se šířící epidemii Covid-19, v zemi je potvrzeno už 55 225 tisíc případů, takže spojené státy předstihly Španělsko a mají po Číně, kde je epidemie na ústupu, a po Itálii nejvíce případů. Ve státě New York je 26 tisíc nakažených.

18. 3. 2020 Steve Sweeney: Kubánský lék by v koronavirové pandemii mohl zachránit tisíce lidí

Zdroj:

- <https://www.globalresearch.ca/cuban-drug-could-save-thousands-lives-coronavirus-pandemic/5706643>
- <http://www.nwoo.org/2020/03/18/steve-sweeney-kubansky-lek-by-v-koronavirove-pandemii-mohl-zachranit-tisice-lidi/>



Interferon B byl vyvinut už v roce 1986 týmem Centra pro genetické inženýrství a biotechnologii (CIGB), a téhož roku byl zařazen do Kubánského zdravotnického systému. Eduardo Martinez označil Interferon B za „vlajkovou loď“ kubánské farmaceutické výroby, který byl vyvíjen ve spolupráci s Čínou jako část společného čínsko-kubánského podniku v rámci dohody o spolupráci dvou socialistických zemí. Eduardo Martinez dodal, že Interferon B by mohl být exportován i do dalších zemí, aby zde pomohl zastavit šíření viru a vyléčil ty, kteří už onemocněli. Patří k 30 lékům, které k boji proti nemoci z koronaviru vybrala Čínská národní zdravotnická komise.

15. 3. 2020 Milana Calábka

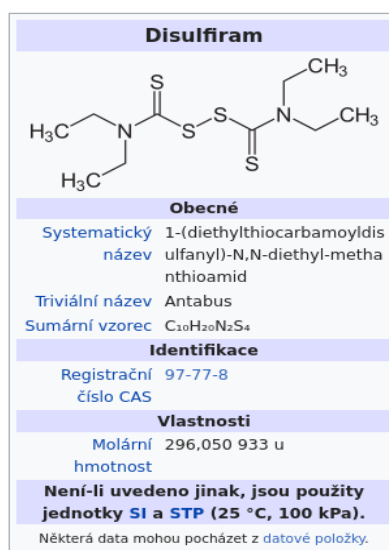
Poprvé jsem zaznamenal informaci o potenciálním léku proti koronaviru COVID-19 od českého léčitele **Milana Calábka** v záznamu představení Malá Vizita s Jaroslavem Duškem v Divadle Kampa 15.3.2020. Výklad Milana Calábka byl podepřen zcela vědeckými argumenty. Video po několika dnech z původního odkazu na YouTube zmizelo, ale mnoho lidí si jej nahrálo, takže je k dispozici i na jiných místech. To samé se stalo se záznamem rozhovoru Milana Calábka v pořadu **Kupředu do minulosti**. Včera 27.3.2020 vystoupil Milan Calábek na rádiu **Frekvence 1** a oznámil, že na několika místech na

Analýza genomu viru COVID-19

světě již proběhly experimenty s pacienty nakaženými koronavirem, kteří byli pomocí **Antabusu** úspěšně vyléčeni. I když je známo už více účinných léků, včetně velkého významu podpory imunitního systému **Vitamínem C, D, draslíkem a zinkem**, tak české zdravotnictví slavně předvádí pouze JEDEN pokus léčby JEDNOHO pacienta **americkým experimentálním přípravkem Remdesivir**. Léky existují a české zdravotnictví a česká mainstreamová média to ignorují. PROČ?

Jako doporučený lék, jehož účinnost je třeba experimentálně prokázat, se objevil Antabus/disulfiram v čínských odborných textech již 25. ledna 2020. Na mnoha lékařských institucích po celém světě byl navržen pro klinické studie, které ještě nebyly ukončeny. Informace o tom, že je schopen léčit MERS a SARS, které jsou koronaviru podobné, jsou známy min. od roku 2018.

Disulfiram (INN), známý též pod svým obchodním názvem **Antabus**, je lék používaný v léčbě závislosti na alkoholu. Novější onkologický výzkum se věnuje jeho účinkům jako možného léku proti rakovině.



Užití Antabusu se kombinuje s Glukonátem měďnatým.

Glukonát měďnatý (C₁₂H₂₂CuO₁₄) je měďná sůl D kyseliny -gluconic. Je bez zápachu světle modré nebo modrozelené krystaly nebo prášek, který je snadno rozpustný ve vodě a nerozpustný v ethanolu.

Analýza genomu viru COVID-19

Roušky a respirátory: Jaké typy jsou skutečně účinné a které mohou škodit?

Zdroj: <https://www.dotyk.cz/magazin/nouzova-sterilizace-rousek-a-respiratoru-20200321.html>



Roušky a respirátory bývají často laickou veřejností zaměňovány. Pokud jste již nakaženi, nesprávně použitý respirátor může dokonce ohrozit vaše okolí.

Respirátory jsou filtrační polomasky na ochranu dýchacích cest a měli by je nosit zdraví lidé, aby se ochránili před onemocněním. Dýchací orgány chrání před prachem, kouřem a aerosolem (kapalnou mlhou), který se dostává do plic. Respirátory nechrání před párou a plynem. Což je v této době bezpředmětné, jelikož se koronaviry dostávají do dýchacích cest aerosolem. Respirátory se skládají z různých filtračních materiálů a samotné masky. Systém klasifikace se dělí na tři třídy FFP, přičemž zkratka FFP vychází z anglického termínu „filtering face piece“ (filtrační maska na tvář).

Třídy ochrany FFP1, FFP2 a FFP3 poskytují ochranu dýchacích orgánů pro různé koncentrace škodlivých látek v závislosti na celkovém úniku a filtraci velikosti částic. Celkový únik je způsoben průchodem filtrů a netěsnostmi na obličeji a nosu, proto je velmi důležité, aby respirátor těsnil na kořeni nosu a kopíroval anatomické poměry obličeje.

Třída FFP1 – nejnižší třída ochrany, filtrují minimálně 80 % pevných částic nacházejících se ve vzduchu až do velikosti 0,6 μm . Jejich použití je bezpečné ve stavebním a potravinářském průmyslu. Poskytuje ochranu v prostředí, ve kterých se neočekávají toxické ani fibrogenní (zmnožení plicního vaziva) prachy a aerosoly.

Třída FFP2 – střední stupeň ochrany, poskytují ochranu proti pevným a kapalným zdraví škodlivým prachům, kouřům, aerosolům a fibrogenním látkám. Zachycují minimálně 94 % pevných částic nacházejících se ve vzduchu až do velikosti 0,6 μm .

Analýza genomu viru COVID-19

Třída FFP3 – nejvyšší stupeň ochrany proti jedovatým a zdraví škodlivým prachům, kouři a aerosolům. Filtruje karcinogenní a radioaktivní škodlivé látky a patogeny, jako jsou viry, bakterie a spory hub. Zachycují minimálně 99 % pevných částic nacházejících se ve vzduchu až do velikosti 0,6 µm.

Pokud máte respirátor s výdechovým ventilem a chodíte s ním mezi lidi, dejte si přes něj i roušku. Respirátor chrání pouze vás, ale z výdechového ventilu můžete šířit vir do svého okolí!

Roušky

Roušky slouží k ochraně před viry a bakteriemi a jsou vyráběny z kvalitních netkaných textilií. Hovorový název „ústěnka“ je chybný, neboť je zapotřebí zakrýt nejen ústa, ale také nos. V dnešní době jsou roušky určené k jednorázovému použití vyráběny pro různé lékařské výkony a různou biologickou zátěž. Účinnost roušky klesá po zvlhnutí – přibližně za 2 hodiny. Použitou roušku lze vyhodit do směsného odpadu, případně spálit. Po tomto úkonu je nutné umýt si důkladně ruce. Bohužel aktuální epidemiologická situace si vyžádala nedostatek těchto jednorázových ochranných pomůcek.

Pokud disponujete pouze těmito rouškami, dodržujte dobu nošení dvou hodin a poté roušku stejným způsobem, jako je uveden u respirátorů, vydezinfikujte. Nikdy použitou roušku nedávejte do neprodyšného obalu, vydezinfikujte, vysušte a můžete ji opakovaně použít. Pokud máte velmi tenké roušky, lze nosit dvě přes sebe. U jednorázových roušek chirurgických/operačních vyrobených z netkaných textilií závisí na materiálu. Některé druhy jednorázových roušek se v mikrovlnné troubě nevznítily ani po 30minutovém ohřívání. V každém případě tyto roušky před vložením do mikrovlnné trouby zvlhčete a celou dobu na proces dohlížejte

Roušky vyrobené z papíru vás proti virům neochrání, ale zabrání šíření kapénkové infekce směrem do okolí. Tudiž je mohou nosit zejména nemocní lidé. **Papírové roušky nedávejte v žádném případě do mikrovlnné trouby. Po použití je nedezinfikujte, ale vyhod'te.**

Roušky jsou určené zejména k ochraně okolí, tedy aby již nemocný člověk nešířil nemoc dál kapénkovou cestou. Použitím běžných roušek se člověk před nákazou COVID-19 neochrání, může však zabránit jejímu dalšímu šíření v případě, kdy by byl sám již infekční.

Textilní roušky

První chirurg, který pravděpodobně začal používat operační roušku, byl Johannes von Mikulicz-Radecki. Jednalo se o primitivní roušku vyrobenou z gázy. Operační roušky se později vyráběly z bavlny, stejně tak, jako operační prádlo a čepce. **Po použití se vyvařovaly, žehlily, sterilizovaly.** V padesátých letech 20. století byly roušky vyráběny z plátna ve dvou vrstvách s vloženou celofánovou nebo flanelovou vrstvou. Později se vyráběly roušky ze šifonu, rouška byla opět dvouvrstvá, vrstvy se však přes sebe překládaly šikmo, aby se nepřekrývaly otvory mezi jednotlivými vlákny.

Analýza genomu viru COVID-19

Pokud si vyrábíte roušku doma sami, můžete dodržet její dvouvrstvost, jako tomu bylo dříve. **Mezi vrstvy můžete vložit perlan (netkaná textilie z 100 % viskózy) nebo filtrační sáček do vysavače.**

Textilní roušku po použití vyvařte, je to jedna z nejstarších a nejúčinnějších známých metod sterilizace. Textilní roušky vyvařujte v hrnci, který si vyhradíte pouze pro tyto účely. Ve vroucí vodě vyvařujte po dobu nejméně pět minut. Po vyvaření roušku nechte uschnout a poté ji z obou stran přezhlete. Textilní roušku nedezinfikujte chemicky, jelikož byste chemické výpary stále inhalovali. Nevkládejte textilní roušky ani do mikrovlnné trouby, mohlo by dojít ke vznícení.

E-mailová komunikace s MZČR

----- Přeposlaná zpráva -----

Předmět: Fw: Řešení karantény nakažených osob - náměstek MZČR

Datum: Thu, 19 Mar 2020 14:52:58 +0100

Od: Michaela Minarova <minarova.michaela@vlada.cz>

Komu: compy@seznam.cz

Vážený pane Třešňáku,

děkuji za Vaši aktivní snahu vyjádřit názor na současnou situaci a navrhnout další možná opatření vedoucí k ochraně občanů před možnou nákazou. Pan premiér si velice Váží Vašeho názoru i komentáře a děkuje Vám za něj.

Ubezpečuji Vás, že pan premiér ve spolupráci s ostatními členy vlády a dalšími odborníky v oblasti epidemiologie této problematice věnují veškeré úsilí a jejich snahou je zavést taková opatření, která povedou k omezení šíření koronaviru.

Závěrem Vám přeji zejména mnoho zdraví a trpělivosti.

S pozdravem

Michaela Minářová

Odbor komunikace Úřadu vlády ČR

www.vlada.cz | twitter.com/strakovka | facebook.com/uradvlady

Analýza genomu viru COVID-19

Od: "Jaroslav Tresnak" <compy@seznam.cz>

Komu: posta@vlada.cz, verejnost@mzcr.cz

Datum: 18.03.2020 22:05

Předmět: Řešení karantény nakažených osob - náměstek MZČR

K rukám pana Prof. MUDr. Roman Prymuly.

Na základě analýzy situace v ČLR si Vám dovoluji navrhnout následující postup.

Nakažené osoby je nutné neprodleně izolovat a nedovolit kontakt ani s členy rodiny. K tomuto je nutné neprodleně vyčlenit ubytovací komplexy (hotely, penziony např. hotely s velkou ubytovací kapacitou). V současné době jsou stejně prázdné.

Proč hotely (penziony)? Každý hotel je vybaven kompletním zázemím (kuchyně, prádelna atd.). Hotelové pokoje jsou většinou dimenzované pro dvě až čtyři osoby. V dnešní době jsou vybaveny televizí, telefonem, záchodem a sprchou.

Strava se dá v rámci hotelu distribuovat na pokoje a nebo jedinci s lehkým průběhem se mohou stravovat přímo v hotelové jídelně nebo restauraci. Po personální stránce se dá lépe zajistit zdravotní péče.

Na každém takovém hotelu bude přítomen zdravotní pracovník (využití také vojenských zdravotníků), který v případě komplikací zajistí převoz pacienta do lokální nemocnice nebo do specializované nemocnice (Homolka, Svatá Anna atd). Jedině tímto způsobem se dá zastavit šíření nákazy. Nenechávejte nakažené osoby v domácích karanténách. V Číně a v Itálii se to vymstilo!!!

Tímto získáte kapacitu tisíce karanténních lůžek a nebudete ohrožovat pacienty a zdravotní personál v nemocnicích. Zároveň tím zamezíte pohybu nakažených osob a můžete vytvořit přímo u toho odběrová místa. Dále získáte plnou kontrolu nad probíhající pandemií.

Je třeba konat. Jak se nám to přehoupne přes 1 000 oficiálně evidovaných nakažených (skutečné číslo 3 000 - 5 000) tak to nezastavíme.

S úctou,

Ing. Jaroslav Třešňák

V Koutě 285, Říčany u Brna

Mobil: 608 960 860

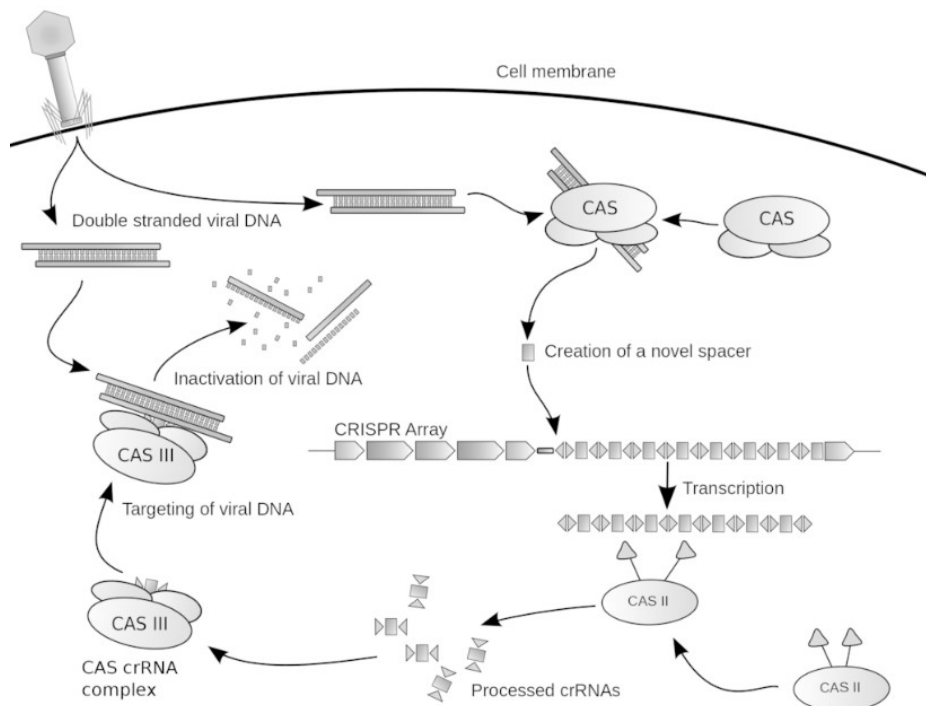
Analýza genomu viru COVID-19

CRISPR

Zdroj: <https://cs.wikipedia.org/wiki/CRISPR>

CRISPR jsou segmenty nahromaděných pravidelně rozmístěných krátkých palindromických repetit (Clustered Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats)[1], jsou to úseky prokaryotické DNA obsahující krátké repetice nukleotidů. Každá z repetit je následována krátkými segmenty tzv. spacer DNA, získanými při předchozích setkáních s příslušnými bakteriálními viry nebo plazmidy.[2]

CRISPR / Cas systém je prokaryotický imunitní systém, zajišťující rezistenci vůči cizím genetickým elementům, jako jsou plazmidy nebo fágy,[3],[4] a představuje tedy formu získané imunity. Spacerová DNA tyto exogenní genetické elementy rozpozná a deaktivuje způsobem analogickým s mechanismem RNA interference v eukaryotických organismech.[5] CRISPR lokusy již byly objeveny u přibližně 40% osekvenovaných bakterií a u 90% archeí.[6] Technologie CRISPR interference má enormní potenciál k uplatnění, včetně pozměňování lidské zárodečné linie, zvířat (i dalších organismů) nebo modifikace genů potravinářských plodin. Doručení proteinu Cas9 a příslušné naváděcí RNA do buňky, lze genom cílového organismu rozstříhnout v jakémkoli požadovaném místě.[7][8][9] CRISPRy ve spojení se specifickými endonukleázami, určenými k editování genomu či cílené regulaci genů, již byly otestovány v rozličných organismech[10]. **Z etického hlediska se jeví jako znepokojivá zejména možnost editace lidské zárodečné linie.**[11]



Historie

CRISPR je přirozenou součástí bakteriálních procesů. **Bakterie mají schopnost začleňovat cizí DNA a dokonce i účelně získávat poškozenou DNA přímo ze svého okolního prostředí.**[12] Nahromaděné repetice byly poprvé popsány v roce 1987 u bakterie *Escherichia coli* na Univerzitě v Osace, vědcem Yoshizumim Ishinou, v té době ovšem jejich funkce nebyla známa.[13] Nezávisle na tom byly tyto repetice pozorovány také španělským badatelem Franciscem Mojicou v roce 1993[14], který je nazval krátkými pravidelně rozmístěnými repeticemi (SRSR).[15] V roce 2000 byly podobné repetice identifikovány u dalších zástupců bakterií a archeí.[16] Na Mojicův návrh byly SRSR roku 2002 přejmenovány na CRISPR.[17][18] Poprvé vyvstalo podezření, že by CRISPR pokusy mohly být zodpovědné za zprostředkování adaptivní imunity u mikrobů.[19][20] Práce zahrnující tyto hypotézy byla prvotně odmítnuta celou řadou vysoce impaktovaných žurnálů.[21][22][23] Byla objevena řada genů, asociovaných s CRISPRovými repeticemi, pojmenovaných Cas, neboli CRISPR-associated genes (s CRISPRem-asociované geny). Cas geny kódují nukleázy nebo helikázy, což jsou enzymy, které stříhají (nukleázy) nebo rozvolňují (helikázy) dvoušroubovici DNA[24]. V roce 2005, tři nezávislé výzkumné skupiny prokázaly, že některé DNA spacery z CRISPR lokusu jsou odvozeny z fágové a extrachromozomální DNA, jako jsou plazmidy.[25][26][27] **Spacery byly identifikovány jako fragmenty DNA pocházející z virů, které již dříve napadly danou bakteriální buňku.** Původ DNA spacerů byl známkou toho, že by CRISPR/Cas systém mohl hrát roli v adaptivní imunitě bakterií.[28][29] Koonin a jeho tým navrhli, že DNA spacery slouží jako templáty pro transkripci RNA molekul analogicky systému zvanému RNA interference uplatňovanému v eukaryotických buňkách[30]. V roce 2007, Barrangou, Horvath (odborníci potravinového průmyslu v Daniscu) a skupina Moineau na Université Laval v Kanadě ukázali, že lze využít spacerovou DNA ke změně rezistence *Streptococcus thermophilus* vůči útoku fágů.[31] **V roce 2012 bylo poprvé ukázáno, že CRISPR může být využit jako nástroj genového inženýrství pro editaci genů v lidské buněčné kultuře.**[32][33] Od té doby byl již systém úspěšně vyzkoušen v široké škále organismů od kvasinek (*S. cerevisiae*),[34] Dania pruhovaného (*D. rerio*)[35], octomilky (*D. melanogaster*),[36] Axolotl (*A. mexicanum*),[37] hlístice (*C. elegans*),[38] rostlin,[39] myši,[40] opic[41] až po lidská embrya[42]. **CRISPR byl modifikován do podoby programovatelných transkripčních faktorů, které vědcům umožňují přesně zacílit a pak aktivovat nebo umlčet specifické geny.**[43] Nyní jsou již k dispozici knihovny desítek tisíc ověřených naváděcích RNA.[44] **Soudní dvůr Evropské unie však roku 2018 metodu postavil na úroveň GMO.**[45]

Více vice informací poskytuje zdroj.